

Inaugural-Dissertation zur Erlangung der Doktorwürde
der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität
München

**Fruchtbarkeitsanalyse verschiedener
Schweinegenotypen**

von Juliane Bonow

aus Greiz

München 2016

Aus dem Lehr- und Versuchsgut der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Arbeit angefertigt unter der Leitung von Herrn Prof. Dr. A. Scholz

Gedruckt mit Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Joachim Braun

Berichterstatter: Prof. Dr. Armin Scholz

Korreferent/en: Univ.-Prof. Dr. Mathias Ritzmann

Tag der Promotion: 16. Juli 2016

Meinen Eltern

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Kenntnisstand	3
2.1. Die derzeitige Bedeutung der Ferkelerzeugung	3
2.2. Kennzahlen der Fruchtbarkeitsphysiologie	5
2.3. Fruchtbarkeitsstörungen	8
2.3.1. Erhöhte Umrauschrage	8
2.3.2. Aborte	10
2.3.3. Störungen der Ovulation	12
2.4. Probleme bei der Ferkelaufzucht	14
2.4.1. Ferkelaufzucht im Allgemeinen	14
2.4.2. Wurfgröße	15
2.4.3. Ferkelverluste	17
2.4.4. Missbildungen	21
2.4.4.1. Atresia ani	21
2.4.4.2. Hernia scrotalis und Hernia inguinalis	22
2.4.4.3. Hernia umbilicalis	22
2.4.4.4. Kryptorchismus	23
2.4.4.5. Hermaphroditismus	24

2.4.4.6. Grätschen	24
2.4.5. Ferkelzittern	25
2.5. Zootechnische & diagnostische Methoden in der Fruchtbarkeit	26
2.5.1. Natursprung und künstliche Besamung	26
2.5.2. Trächtigkeitsuntersuchung	27
2.6. Fruchtbarkeit als Leistungsmerkmal	29
2.7. Schweinerassen	31
2.7.1. Deutsche Landrasse	31
2.7.2. (Deutsches) Edelschwein, Large White	33
2.7.3. Pietrain	35
2.7.4. Duroc	36
2.7.5. Hampshire	38
2.7.6. Large Black	41
2.7.7. Cerdo Iberico	43
2.7.8. Schwäbisch Hällisches Landschwein	45
2.7.9. Wildschwein	48
3. Material und Methoden	50
3.1. Versuchstiere	50
3.1.1. Muttertiere (Muttergenotyp)	50

3.1.2.	Vatertiere (Vatergenotyp)	56
3.1.3.	Haltungsort der Versuchstiere.....	58
3.1.3.1.	Stallgebäude	58
3.1.3.2.	Tierbestand.....	63
3.2.	Versuchsmethodik.....	63
3.2.1.	Fruchtbarkeitsmanagement.....	63
3.2.2.	Umstellungsprinzip.....	67
3.2.3.	Ermittelte Daten	67
3.2.4.	Statistische Analyse der Daten.....	68
4.	Ergebnisse	70
4.1.	Zwischenwurfzeit	70
4.2.	Anzahl lebend geborener Ferkel	74
4.3.	Anzahl aufgezogener Ferkel.....	79
4.4.	Anzahl aufgezogener weiblicher Tiere	83
4.5.	Anzahl aufgezogener männlicher Tiere.....	86
4.6.	Ferkel-Verluste und totgeborene Ferkel.....	90
4.7.	Erdrückte Ferkel	95
4.8.	Trächtigkeitsdauer	98
5.	Diskussion.....	102

5.1.	Zwischenwurfzeit	103
5.2.	Lebend geborene Ferkel	106
5.3.	Aufgezogene Ferkel	110
5.4.	Aufgezogene männliche und weibliche Ferkel	113
5.5.	Ferkelverluste	114
5.6.	Erdrückte Ferkel	117
5.7.	Trächtigkeitsdauer	121
5.8.	Der Einfluss des MHS-Genotyps	124
5.9.	Der Einfluss der Anzahl der Besamungen	125
5.10.	Absetzalter, Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer	125
5.11.	Schlussfolgerung	126
6.	Zusammenfassung	128
7.	Summary	132
8.	Literaturübersicht	135
9.	Anhang	164
10.	Danksagung	194

Abbildungsverzeichnis

Abb.1	Ferkelverlusten in Relation zum Geburtsgewicht	18
Abb.2	Pietrain Jungsau	36
Abb.3	Duroc Jungsau	38
Abb.4	Hampshire Zuchtläufer (Außenklimastall Lehr- und Versuchsgut)	40
Abb.5	Large Black Sau (Schweinehöfen Lehr- und Versuchsgut)	43
Abb.6	Cerdo Iberico Sauen (Quarantänestall Lehr- und Versuchsgut)	45
Abb.7	Schwäbisch Hällisches Landschwein (weiblicher Zuchtläufer)	47
Abb.8	Wildschweinbache inklusive Frischlingen	49
Abb.9	Zuchtsau Wildschwein x Duroc (Schweinehöfenbereich Lehr- und Versuchsgut)	51
Abb.10	Zuchtsau Pietrain x Cerdo Iberico (Mehrzweckstall 2, Lehr- und Versuchsgut)	52
Abb.11	Wildschwein_Duroc x Large Black Anpaarung (freies Abferkelsystem Lehr- und Versuchsgut)	53
Abb.12	Wurf aus Duroc x Cerdo Iberico Anpaarung (freies Abferkelsystem Lehr- und Versuchsgut)	54
Abb.13	Abferkelbucht im Abferkelstall. Zuchtsau mit 12,5% Wildschweingenanteilen inklusive Saugferkeln aus Anpaarung mit Pietrain	59
Abb.14	Abferkelbucht im Abferkelstall. Zuchtsau (Muttersauenlinie) mit Saugferkeln	60
Abb.15	Deckzentrum. Zucht- und zuchtreife Jungsauen, die zur Besamung eingestallt sind. Zuchteber in der hinteren Box.	61
Abb.16	Wartesauen im Außenklimastall (von links: Large Black, Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse)	62

Abb.17	Zwischenwurfzeiten (ZWZ) in Tagen verschiedener Muttergenotypen	71
Abb.18	Zwischenwurfzeiten (ZWZ) in Tagen verschiedener Vatergenotypen	73
Abb.19	Anzahl lebend geborener Ferkel je Wurf (LGF) verschiedener Mutter-Genotypen	76
Abb.20	Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF) von verschiedenen Wurfnummern	77
Abb.21	Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF) verschiedener Vatergenotypen	79
Abb.22	Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF) verschiedener Muttergenotypen	80
Abb.23	Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF) der verschiedenen Wurfnummern	81
Abb.24	Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF) verschiedener Vatergenotypen	82
Abb.25	Aufgezogene weibliche Ferkel (AWF) abhängig vom Muttergenotyp	84
Abb.26	Aufgezogene weibliche Ferkel (AWF) abhängig von der Wurfnummer	85
Abb.27	Aufgezogene männliche Ferkel (AMF) verschiedener Muttergenotypen.	87
Abb.28	Aufgezogene männliche Ferkel (AMF) der Wurfnummern 1 – 7	88
Abb.29	Aufgezogene männliche Ferkel (AMF) verschiedener Vatergenotypen	89
Abb.30	Verluste (totgeborene und nicht abgesetzte Ferkel) bei verschiedenen Muttergenotypen	92
Abb.31	Abhängigkeit der Ferkelverluste von der Wurfnummer	93

Abb.32	Abhängigkeit der Ferkelverluste vom Vatergenotyp	94
Abb.33	Abhängigkeit der erdrückten Ferkel vom Muttergenotyp	95
Abb.34	Abhängigkeit der erdrückten Jungtiere von der Wurfnummer	96
Abb.35	Trächtigkeitsdauer verschiedener Muttergenotypen	98
Abb.36	Trächtigkeitsdauer der Wurfnummern 1-7	99
Abb.37	Trächtigkeitsdauer in Abhängigkeit vom Vatergenotypen	100
Abb.38	Boxplot zur Wurfnummerverteilung der Sauen am Lehr- und Versuchsgut (Würfe ab dem 7. Wurf wurden in einer Klasse zusammengefasst)	107
Abb.39	Verteilung der totgeborenen Ferkel auf die Zahl der gesamt geborenen Ferkel. Die Zahl der totgeborenen Tiere steigt mit Zunahme der Wurfgröße.	117
Abb.40	Verteilung der erdrückten Ferkel auf die Zahl der gesamt geborenen Ferkel.	119
Abb.41	Abhängigkeit der Trächtigkeitsdauer von der Zahl der geborenen Ferkel	123
Abb.42	Absetzalter verschiedener Muttergenotypen	188
Abb.43	Absetzalter abhängig von der Wurfnummer	189
Abb.44	Abhängigkeit des Absetzalters vom Vatergenotyp	190
Abb.45	Erstbelegungsalter verschiedener Muttergenotypen	192

Tabellenverzeichnis

Tab.1	Symptome und Ursachen von Ovarfunktionsstörungen	12
Tab.2	Verteilung der Gesamtwürfe auf die jeweilige Anzahl lebend geborener Ferkel LGF	75
Tab.3	Übersicht der Ferkelverluste in Anzahl und Ursache	90
Tab.4	Vergleich Literaturangaben und eigene Ergebnisse der lebend geborenen Ferkel (LGF)	109
Tab.5	Ergebnisse der Muttergenotypen Zwischenwurfzeit	164
Tab.6	Ergebnisse Vatergenotyp Zwischenwurfzeit	165
Tab.7	Ergebnisse Muttergenotyp lebend geborene Ferkel (LGF)	167
Tab.8	Ergebnisse Vatergenotyp lebend geborene Ferkel (LGF)	168
Tab.9	Ergebnisse Wurfnummer lebend geborene Ferkel (LGF)	179
Tab.10	Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)	170
Tab.11	Ergebnisse Vatergenotyp Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)	171
Tab.12	Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)	173
Tab.13	Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene weibliche ferkel (AWF)	173
Tab.14	Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene weibliche ferkel (AWF)	175
Tab.15	Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)	175
Tab.16	Ergebnisse Vatergenotyp Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)	177
Tab.17	Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)	178

Tab.18	Ergebnisse Muttergenotyp Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)	179
Tab.19	Ergebnisse Vatergenotyp Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)	180
Tab.20	Ergebnisse Wurfnummer Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)	181
Tab.21	Ergebnisse Muttergenotyp erdrückte Ferkel	182
Tab.22	Ergebnisse Wurfnummer erdrückte Ferkel	184
Tab.23	Ergebnisse Muttergenotyp Trächtigkeitsdauer (Tage)	184
Tab.24	Ergebnisse Vatergenotyp Trächtigkeitsdauer (Tage)	186
Tab.25	Ergebnisse Wurfnummer Trächtigkeitsdauer (Tage)	187

Abkürzungsverzeichnis

Abb.	Abbildung
AUF	Anzahl aufgezogener Ferkel
AFF	Anzahl aufzuchtfähiger Ferkel
AMF	Aufgezoene männliche Ferkel
AWF	Aufgezoene weibliche Ferkel
bzw.	Beziehungsweise
DE	Deutsches Edelschwein
DL	Deutsche Landrasse
DLS	Deutsche Landrasse Sauenlinie
Du	Duroc (amerikanische Schweinerasse)
EBA	Erstbesamungsalter
EDV	Elektronische Datenverarbeitung
FSH	Follikel-stimulierendes Hormon
G	Gramm
GnRH	Gonadotropin-Releasing-Hormon

H	Stunde
Ha	Hampshire
h^2	Heritabilität
HCL	Salzsäure
Ib	Cerdo Iberico (spanische Schweinerasse)
IGF	Insgesamt geborene Ferkel
i.m.	Intramuskulär
KB	Künstliche Besamung
KGW	Körpergewicht
LB	Large Black (englische Schweinerasse)
LGF	lebend geborene Ferkel
LH	Luteinisierendes Hormon
LSM	Least squares mean (Kleinste Quadrate Mittelwert)
LVG	Lehr- und Versuchsgut

Mg	Milligramm
µg	Mikrogramm
MHS	Malignes Hyperthermie Syndrom
Mio.	Millionen
ml	Milliliter
mm	Millimeter
NN	Stressstabil (homozygot normal, MHS-Genort)
NP	Variabel in der Stressreaktion (heterozygot, MHS-Genort)
PCV-2	Porcines Circovirus 2
PGF	Prostaglandin 2 alpha
Pi	Pietrain
p.o.	per os
PP	Stresslabil (homozygot "defekt", MHS-Genort)
p.p.	Postpartal

PPV	Porcines Parvovirus
PRRSV	Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus
PSE	pale- soft- exudative (Qualitätsmangel von Schweinefleisch)
R	Korrelationskoeffizient nach Pearson
REML	restricted maximum likelihood
SD	standard deviation (Standardabweichung)
SEE	standard error of estimate (Standardschätzfehler)
SEW	Segregated early weaning
SH	Schwäbisch Hällisches Schwein
Tab.	Tabelle
Usw	und so weiter
vs.	Versus
WS	Wildschwein
z.B.	Zum Beispiel
ZWZ	Zwischenwurfzeit

1. Einleitung

Die Wirtschaftlichkeit eines ferkelerzeugenden Betriebes ist maßgeblich durch die Fruchtbarkeitsparameter wie aufgezogene Ferkel (Freitag & Wicke, 2003) und lebend geborene Ferkel sowie Ferkelverluste (Brandt, 2014) geprägt. Diese lassen sich durch eine Vielzahl von Parametern beeinflussen. Dazu gehören zum einen die Umwelteinflüsse wie Klima, Fütterung, Jahreszeit, Krankheitserreger. Zum anderen beeinflusst auch das Betriebssystem die Fruchtbarkeit. Hierzu zählen beispielsweise die Verwendung von Brunstsynchronisationsprogrammen, zootechnische Maßnahmen sowie die geplante Länge der Säugeperiode. Nun stellt sich ergänzend die Frage, inwieweit der Genotyp der Muttersau und auch des Ebers die Fruchtbarkeitsparameter beeinflussen kann.

In der vorliegenden Arbeit wurden über einen Zeitraum von September 1994 bis März 2014 Fruchtbarkeitsdaten verschiedenster Schweinegenotypen gesammelt und statistisch analysiert. Diese sollen Aufschluss darüber geben, ob und mit welchem biologisch relevanten Stellenwert die Rasse eines Schweines auf die Fruchtbarkeitsleistung Einfluss nimmt.

Künftige Zuchtziele sind neben der Mast- und Schlachtleistung, die Wurfgröße, aber auch die Überlebensfähigkeit der Ferkel und ein guter Umgang der Sau mit ihren Jungtieren. Außerdem spielen neben der Fleischqualität in Zukunft auch Robustheit und Vitalität eine immer wichtigere Rolle. Für die Entwicklung von neuen Zuchtprogrammen, die diese Vielzahl an Eigenschaften berücksichtigen, ist die Genetik von großer Bedeutung (Neerhof, 2014). Die vorliegenden Ergebnisse sollen somit dazu beitragen, anhand

des Genotyps eine Verbesserung der Fruchtbarkeit und Aufzuchtleistung zu erreichen.

Der Theorieteil der Arbeit beginnt mit einer kurzen Zusammenfassung über die derzeitige Bedeutung der Ferkelerzeugung und erläutert die Kennzahlen der Fruchtbarkeitsphysiologie sowie Fruchtbarkeitsstörungen und Probleme bei der Ferkelaufzucht. Es folgt eine theoretische Auseinandersetzung mit den zootechnischen Maßnahmen und der Fruchtbarkeit als Leistungsmerkmal. Desweiteren werden die Merkmale der einzelnen Schweinerassen beleuchtet. Im methodischen Teil werden die Versuchstiere, deren Haltungssystem, die Versuchsbedingungen sowie die ermittelten Daten vorgestellt. Die Darstellung der Ergebnisse sowie die Diskussion schließen die vorliegende Arbeit ab.

2. Kenntnisstand

2.1. Die derzeitige Bedeutung der Ferkelerzeugung

Die derzeitige Bedeutung der Ferkelerzeugung für den Markt und die Schweinehalter in Deutschland soll im folgenden Abschnitt erläutert werden.

Im Gegensatz zu den bis 2014 steigenden Zahlen der in der Bundesrepublik geschlachteten Schweine, geht die Zahl der in Deutschland erzeugten Ferkel immer mehr zurück. Im Jahr 2011 wurden über 11 Mio. Ferkel aus den Niederlanden und aus Dänemark importiert. Gleichzeitig lag der Selbstversorgungsgrad für Ferkel in manchen Regionen Deutschlands zum Teil unter 35%. Die Ferkelproduktion stagniert (hier) seit Jahren (Hortmann-Scholten, 2012). Von 25700 Schweinehaltern hielten im Jahr 2015 nur noch rund 9600 Betriebe Zuchtsauen (Statistisches Bundesamt, 2016). Diese Zahlen verdeutlichen, wie wichtig eine effektive Ferkelproduktion heutzutage ist. Um am Markt bestehen zu können, müssen die Zuchtsauen eine gute Fruchtbarkeit aufweisen (Hortmann-Scholten, 2012).

Dabei spielen nicht nur die Anzahl geborener und aufgezogener Ferkel eine Rolle, sondern auch Elemente wie Zwischenwurfzeit, Umrauschquote, Puerperalstörungen und Missbildungen der Ferkel. All diese Faktoren können für den Sauenhalter enorme Kosten verursachen (Dijkhuizen, 1989). Beispielsweise kostet jedes Umrauschen den Ferkelerzeuger ca. 100€. Ein weniger abgesetztes Ferkel bedeutet - je nach Marktlage - einen Verlust

von ca. 35-60€. Der Abgang einer Muttersau kann bis zu 500€ Schaden verursachen (Pabst, 2013). Deshalb ist es umso wichtiger, diese möglichst gering zu halten, um wirtschaftlich produzieren zu können. Außerdem erfordert der EU-weite Wettbewerb eine zunehmende Professionalisierung der Ferkelerzeugerbetriebe. Dadurch, dass die Zahl der pro Jahr und Sau verkauften Ferkel um 2 bis 5 % steigt, werden immer weniger Sauen benötigt. Umso wichtiger ist, dass diese Tiere eine gute Fruchtbarkeit aufweisen, um diese Leistungen überhaupt erbringen zu können.

Der derzeitige Strukturwandel in der Ferkelproduktion folgt dem der Schweinemast. Der Anstieg der Zahl geschlachteter Tiere erfordert eine höhere Ferkelzahl. Im Gegensatz dazu steht ein minimal geringerer Bedarf aufgrund leicht steigender Schlachtgewichte. Hortmann-Scholten (2012) beschreibt einen Anstieg der Schlachtgewichte um 1-2 kg in Deutschland. In Dänemark sind die Durchschnittsschlachtgewichte in den letzten fünf Jahren sogar um 6kg gestiegen. Ein Ferkelerzeuger muss somit heutzutage Kosten senken und die Kostendegression ausschöpfen. Ein weiteres Problem sind die enormen Preisschwankungen am Ferkelmarkt. Die Ferkelerzeuger müssen ihre Produktion so ausrichten, dass möglichst große verkaufsfertige Partien vermarktet werden können, da bei der Durchmischung kleinerer Gruppen unterschiedlicher Herkunft immer die Gefahr von einer Durchseuchung besteht. Die Betriebe müssen dem Gesuch des Marktes nachkommen, nämlich genetisch einheitliche Partien mit möglichst geringen Gewichtsschwankungen bei gleichem Alter zu produzieren. Hierbei spielt die Fruchtbarkeit der Zuchtsauen eine entscheidende Rolle (Hortmann-Scholten, 2012).

Um die Produktionsziele in der Ferkelerzeugung zu erreichen, gelten die folgenden Orientierungswerte. Die Wurfgröße sollte sich - in der Produktionsstufe - bei Jungsauen auf insgesamt 13, bei Altsauen auf insgesamt 15 geborene Ferkel pro Wurf belaufen. Die Abferkelrate sollte bei Jungsauen über 80%, bei Altsauen zwischen 85 und 90 % liegen. Jede Sau sollte ca. durchschnittlich 2,3 Würfe je Jahr aufweisen (Wähner, 2012) und somit pro Jahr mindestens 30 Ferkel zur Welt bringen. In Dänemark wurden 35 abgesetzte Ferkel pro Sau und Jahr als Zielstellung im Jahr 2012 formuliert (Hoy, 2013), während Culbertson (2012) eine Anzahl von 21,5 abgesetzten Ferkeln/Wurf für das Jahr 2062 vorhersagte. Nach eher aktuellen Gesichtspunkten sollte die Geburtsmasse der einzelnen Ferkel zwischen 1,4 kg und 1,5 kg, das Absetzgewicht nach 21 Tagen bei mindestens 6 kg liegen. Eine Nutzungsdauer von über vier Würfen pro Tier ist erstrebenswert. Die Remontierungsquote in der Ferkelerzeugung soll bei 40 bis 45% liegen (Wähner, 2012).

2.2. Kennzahlen der Fruchtbarkeitsphysiologie

Wie bei anderen Tierarten auch, wird die Fruchtbarkeit des Schweines durch eine Vielzahl von Kennzahlen bestimmt. Definiert man Fruchtbarkeit, so umfasst diese ein regelmäßiges Eintreten der Rausche, bei der es zur Ovulation kommt. Des Weiteren müssen ausreichend Eizellen produziert werden (Knox, 2005). Das sexuelle Verhalten sollte ungestört sein. Die Entwicklung der Embryonen und Feten muss sich physiologisch vollziehen und schließlich sollte die Geburt ohne Komplikationen verlaufen und die Ferkel vital sein (Meyer & Coenen, 1995). Die folgenden Kennzah-

len geben die physiologischen Daten der Fruchtbarkeit des Schweines wieder.

Schweine werden im Durchschnitt um den 195. Lebenstag geschlechtsreif. Die Zuchtreife erreichen sie etwa mit sieben bis acht Lebensmonaten (Aumüller, 2000). Das Erstbesamungsalter sollte nicht unter 230 Lebenstagen liegen, die Tiere sollten hierbei mindestens ein Gewicht von 130 kg und eine Rückenfettdicke von 18mm aufweisen. Je später die Belegung stattfindet, umso mehr abgesetzte Ferkel pro Jahr und Tier können erwartet werden. Jungsauen sollten vor der Erstbelegung mindestens zwei ausgeprägte Brunsten durchlebt haben (Wilkes, 2000). Die Zuchttauglichkeit von Jungsauen wird unter anderem durch ihre Körperzusammensetzung bzw. -konditionierung beeinflusst. Sowohl über- als auch unterkonditionierte Jungsauen sind in der Regel nicht bzw. in einem geringeren Maße zuchttauglich (Hoffschulte & Scholz, 2006).

Das Zyklusintervall beim Schwein beläuft sich auf 18 bis 24 Tage (Soede et al., 2011) und unterteilt sich in die Phasen Proöstrus, Östrus, Metöstrus und Diöstrus. Altsauen sind im Durchschnitt 48 bis 72 Stunden brünstig, Jungsauen hingegen 24 bis 48 Stunden. Der Ovulationsbeginn ist meist 32 bis 48 Stunden nach Feststellung von Brunstsymptomen. Laut Aumüller (2000) beträgt die Ovulationsrate bei Jungsauen 12 bis 16 Follikel, bei Altsauen 16 bis 20 Follikel. Hernandez et al. (2014) geben eine Ovulationsrate von 9- 28 an. Das Schwein trägt im Durchschnitt 114 Tage (Aumüller, 2000). Für die Zwischenwurfzeit gibt es sehr unterschiedliche Angaben mit teilweise sehr großer Varianz. Sie ist abhängig von der Dauer

der Trächtigkeit, der Länge der Laktationsperiode und dem Zeitraum zwischen Absetzen und einer erneuten Trächtigkeit (Bösch, 1999).

Im "Idealfall" bei einer

- Trächtigkeitsdauer von 115 Tagen,
- Säugezeit von 21 Tagen,
- Absetz-Brunst-Intervall von 5 Tagen,
- Befruchtungserfolg-/Trächtigkeitsrate von 100%

und Embryonal- bzw. Saugferkelverlusten von 0 %

könnte nach Kraeling & Webel (2015) eine Durchschnitts-Sau

2,6 Würfe und 52 abgesetzte Ferkel je Jahr "produzieren".

Culbertson (2012) rechnete in seiner Zukunftsvision für 2062 sogar mit 54 abgesetzten Ferkeln je Sau und Jahr.

Da die oben beschriebenen Idealvorstellungen (bislang) nicht erreicht und praktisch wohl nie zu 100% umsetzbar sein werden, wird im folgenden Abschnitt auf die beim Schwein möglichen Fruchtbarkeitsstörungen eingegangen.

2.3. Fruchtbarkeitsstörungen

2.3.1. Erhöhte Umrauschräte

Unter dem Umrauschen versteht man die „Wiederkehr von Brunsterscheinungen nach erfolgloser Besamung oder Bedeckung“ (Wiesner & Ribbeck, 1983, Van der Lende et al., 2000).

In der Regel geschieht dies zwischen dem 18. und 24. Zyklustag. Kommt die Sau in diesem physiologischen Intervall in Brunst, spricht man von einem regelmäßigen Umrauschen. Hormonelle Prozesse bewirken, dass die Sau erneut Symptome einer Brunst zeigt und somit der Körper erneut für eine Besamung bereit ist. Dies ist entweder der Fall, wenn keine Befruchtung von Eizellen stattgefunden hat oder die Embryonen vor dem 12. Trächtigkeitstag abgestorben sind (Van der Lende et al., 2000, Vallet et al., 2002). Rauscht die Sau in regelmäßigen Abstand zwischen dem 36. und 48. bzw. zwischen 54. und 72. Tag nach der Belegung um, wurden zuvor entweder keine Brunstsymptome beobachtet oder das Tier hat diese nicht gezeigt. Unter unregelmäßigem Umrauschen nach 25 bis 35 Tagen versteht man das Auftreten von Brunstsymptomen, nachdem eine Befruchtung von Eizellen stattgefunden hatte, die Trächtigkeit allerdings abgebrochen wurde. Dies geschieht meist, wenn weniger als 5 Embryonen vorhanden sind bzw. ein Großteil der Gebärmutter leer geblieben ist. Kommt es nach dem 35. Trächtigkeitstag zum embryonalen Fruchttod, findet keine Resorption mehr statt, da die Früchte bereits ein knöchernes Skelett ausgebildet haben. Dies hat eine Mumienbildung oder den Frühabort zur Folge.

Eine erhöhte Umrauschrage kann unterschiedliche Ursachen haben und muss in verschiedenen Bereichen des Betriebes analysiert werden (Douglas et al., 2014, Kraeling & Webel, 2015). Zum einen sollte der eingesetzte Eber sowohl deck- als auch zeugungsfähig sein. Des Weiteren können Fehler im Besamungsmanagement auftreten. Ebenso kann die Brunstkontrolle fehlerhaft sein. Hilfreich ist hierbei der Einsatz eines Sauenplaners, wo die Deck- und Rauschedaten der jeweiligen Tiere genau vermerkt werden. Ebenso können krankhafte Prozesse zum vermehrten Umrauschen führen, beispielsweise das Vorhandensein von Eierstockszysten (Daniel Givens & Marley, 2008). Diese können sich unter anderem durch fehlerhafte Hormongabe bei der Brunstinduktion oder aber auch durch Zearalenon im Futter bilden (Cortinovis et al., 2011). Das Fütterungsmanagement sollte somit ebenfalls überprüft werden (Wendt, 2000). Neben den Ovarzysten können außerdem krankhafte Prozesse wie Endometritits, Eileiterverschluss oder Missbildungen der weiblichen Geschlechtsorgane zu einer wiederkehrenden Brunst nach der Belegung führen (Van der Lende et al., 2000, Plonait, 2004a, Daniel Givens & Marley, 2008). Vermehrtes Umrauschen kann sich ebenfalls durch Haltungsfehler zeigen, wenn die Tiere durch häufiges Umstallen oder Rangkämpfe in einer neuen Gruppe unter Stress gesetzt sind. Durch eine Infektion mit zahlreichen Pathogenen, wie beispielsweise Parvoviren, PRRS, Enterovirus, Leptospiren oder Chlamydien kann die Umrauschquote ebenfalls erhöht sein (Daniel Givens & Marley, 2008). Außerdem kann auch ein verfrühtes Absetzen zum erneuten Eintreten von Brunsterscheinungen führen, da der Uterus dann meist nur einen ungenügenden Regenerationsprozess durchgeführt hat

und die Einnistung von befruchteten Eizellen somit nicht erfolgen kann (Kraeling & Webel, 2015).

Letzten Endes hat eine erhöhte Umrauschquote im Betrieb ebenfalls tierseuchenrechtliche Konsequenzen. Liegt diese über 20% bzw. die Abortrate über 2,5% muss die Ursache laut Schweinehaltungshygieneverordnung umgehend durch den bestandsbetreuenden Tierarzt abgeklärt werden (Wendt, 2000).

2.3.2. Aborte

Als Abort bezeichnet man den Abgang der Feten, bevor die untere Grenze der physiologischen Trächtigkeitsdauer erreicht wurde (Wiesner & Ribbeck, 1983, Geisert & Schmitt, 2002).

Beim Schwein liegt diese Grenze unter dem 110. Trächtigkeitstag (Plonait, 2004a). Prinzipiell unterscheidet man zwischen einem Spätabort, Frühabort und einer Fehlgeburt. Beim Spätabort sind die Feten ausgereift, aber nicht lebensfähig. Beim Schwein ist dies nach über 13 Wochen Trächtigkeitsdauer der Fall. Bei einer Fehlgeburt sind die Früchte weder ausgereift noch lebensfähig. Von einem Frühabort spricht man, wenn die Früchte vor dem Ende der embryonalen Entwicklung abgehen (Wiesner & Ribbeck, 1983). Die Ursache kann infektiös oder haltungsbedingt sein. Es kommt zum embryonalen Fröhtod als Folge von Entwicklungsfehlern aufgrund fehlerhafter, genetischer Codierungen (Bostedt, 1995). Ein infektiöser Abort kommt durch das Auftreten verschiedener Krankheitserreger, wie z.B. Brucellen, E. Coli, Erysipelothrix rhusiopathiae, Leptospiren, Listerien

PRRSV, Influenzaviren, Aujeszkyviren (Daniel Givens & Marley, 2008) und auch Infektionen mit Futtertoxinen (Kanora & Maes, 2009, Cortinovis et al., 2011) zustande. Als haltungsbedingte Ursachen sind Aufstellungsfehler, Rangordnungskämpfe, Temperaturextreme und Mangelernährung zu nennen (Kraeling & Webel, 2015). All diese Faktoren lösen bei dem Muttertier Stress aus, welcher mit einem hohen Kortikoidspiegel im Blut einhergeht und zur Luteolyse führt. Das Absinken des Progesteronspiegels führt nun zur Einleitung des Geburtsvorgangs (Plonait, 2004a). Des Weiteren können erhöhte Kortisonwerte dazu führen, dass der Transport der Embryonen durch den Eileiter in den Uterus gestört ist. Folge ist eine ungleichmäßige Entwicklung der Früchte (Vallet et al., 2002, Wähner, 2006).

Der sogenannte saisonale Abort hat ebenfalls haltungsbedingte Ursachen. Er tritt häufig bei schlechtgenährten Altsauen in Verbindung mit Kältestress (tagsüber Wärme, nachts Kälte) im Spätsommer bis Herbst auf (Plonait, 2004a). Ebenfalls ist Hitzestress als eine mögliche Abortursache zu nennen (Heinze, 2010; Holzheu, 2014). In Hinblick auf die Nährstoffversorgung im Zusammenhang mit dem embryonalen Fröhtod ist vor allem ein Energiedefizit (Boyd et al., 2000, Kim et al., 2013), aber auch eine Unterversorgung mit Spurenelementen wie Zink, Mangan, Kupfer und Jod zu nennen (Close, 2010). Vitamin-A-Mangel kann missgebildete Ferkel zur Folge haben. Auch ein erhöhter Zearalenongehalt im Futter wirkt sich negativ auf die Progesteronbildung aus (Kanora & Maes, 2009). Mangelnder Zervixverschluss oder teratogene Wirkungen, beispielsweise durch

Arzneimittel in der embryonalen Entwicklungsphase, sind ebenfalls als Ursachen zu nennen (Bostedt, 1995).

2.3.3. Störungen der Ovulation

Beim Schwein können verschiedene ovarielle Funktionsstörungen auftreten, die sich im klinischen Bild unterschiedlich äußern. Die Ursachen dafür können sehr vielseitig sein. Infektionen, Haltungsfehler oder Probleme im Fütterungsmanagement können Störungen der Ovaritätät hervorrufen. Die folgende Tabelle gibt einen Überblick über mögliche Fehlfunktionen des Ovars und deren klinisches Bild wieder (Bostedt, 1995).

Tab.1 Symptome und Ursachen von Ovarfunktionsstörungen

Ovarielle Funktionsstörung	Symptome	Mögliche Ursache
Zysten	Anöstrie, Anaphrodisie, Dauer- rausche, Umrauschen	Fehler in der medika- mentösen Zyklussteue- rung, Intoxikation mit Zearalenon
Follikelatresie	Anöstrie, Zyklusverkürzung, verminderte Wurfzahl, Umrauschen	Störungen im hormo- nellen Steuerungssys- tem, Energiemangel, Nährstoffmangel (Pro- tein, Mangan, Vitamin A),

		Zearalenonintoxikation
Persistierender Gelbkörper	Anöstrie, Umrauschen in unregelmäßigen Abständen, Pseudogravidität	Embryonenvermittelte Blockade des PGF-Abbaus in Verbindung mit embryonalem Frühtod
Gelbkörper-Insuffizienz	Aborte, Umrauschen	Störung in der LH-Rezeptorbildung im Lutealgewebe
Totale Funktionsstörung des Ovars	Keine Rauscheanzeigen, Ausbleiben der Pubertät,	Energie- und Nährstoffmangel

Meist kommt ein Schwein 5-10 Tage nach dem Absetzen der Ferkel erneut in Brunst. Ist dies nicht der Fall, muss eventuell von einem Energiedefizit ausgegangen werden (Kim et al., 2013). Dieses liegt häufig bei Muttertieren vor, die in der Säugezeit sehr stark beansprucht wurden, z.B. durch eine hohe Wurfgröße. Als weitere Ursache für ein Nichteintreten der Ovulation kommt ein Nährstoffmangel in Frage. Beispielsweise kann ein verminderter Proteingehalt oder Mangel an essentiellen Fettsäuren in der Ration dazu führen, dass die Brunst nach dem Absetzen ausbleibt. Des Weiteren haben ein Mangan- und Vitamin-A-Mangel negative Auswirkungen auf den Eintritt der Rausche. Eine Überprüfung des Fütterungsmanage-

ment ist somit induziert (Kraeling & Webel, 2015). Ebenso kann eine Intoxikation mit Zearalenon zu Störungen der Ovulation führen, indem es eine Verkümmern der Eierstöcke bewirkt (Meyer & Coenen, 1995).

2.4. Probleme bei der Ferkelaufzucht

2.4.1. Ferkelaufzucht im Allgemeinen

Das in den USA verbreitete Prinzip des „Segregated Early Weaning“, kurz SEW, bei dem die Ferkel bereits nach 12 bis 14 Tagen Säugezeit von der Mutter getrennt werden (Fangman & Tubbs, 1997), ist in Deutschland aufgrund der gesetzlich festgelegten Mindestsäugezeit von 21 Tagen nicht möglich. Es bleibt Einzelfällen, wie bei der Sanierung von Basiszuchtbetrieben, vorbehalten (Hühn, 2004b). Das Alter der Ferkel beim Absetzen ist problematisch, da mit zunehmender Lebensdauer der Erregerdruck steigt. Gefährlich ist der Zeitraum um die 3. bis 4. Lebenswoche, da hier eine Lücke in der Übergangszeit zwischen der aktiven und passiven Immunität besteht. Die Ferkel können sich zu diesem Zeitpunkt leichter infizieren. Ist dies einmal geschehen, stellen erkrankte Tiere auch eine Infektionsquelle für andere dar. Deshalb sollte man so früh wie möglich die Ferkel vom Muttertier nach der Säugezeit trennen, damit eine Übertragung von Keimen von der Sau auf ihren Nachwuchs möglichst gering gehalten wird. Außerdem sollte eine räumliche Trennung von Sauenhaltung und Ferkelaufzucht sowie Masttieren stattfinden. Bei der Mast muss darauf geachtet werden, dass die Tiere nicht aus zu vielen verschiedenen Betrieben stammen, da der unterschiedliche Immun- und Infektionsstatus eine gegenseitige Ansteckungsgefahr darstellt. Ebenso sollte im Allgemeinen das Rein-Raus-Prinzip angewendet werden (Heggemann, 2004).

In Hinblick auf die Sauenfruchtbarkeit kann ein frühzeitiges Absetzen allerdings keine Stabilität bzw. Vorteile gewährleisten. Beträgt die Säugezeit weniger als 21 Tage, ist es möglich, dass es zu einem verlängerten Absetz-Konzeptions-Intervall kommt. Die Wurfgröße ist dann oft vermindert und die Remontierungsrate erhöht (Hühn, 2004b). Eine Zeitspanne von 21 Tagen ist im Puerperium wichtig, damit sich der Uterus regenerieren kann. Dies geschieht durch die Oxytocin-Ausschüttung während des Saugvorgangs. Fällt dieser weg und die Sau wird zu früh wieder besamt, kann es passieren, dass die befruchteten Eizellen sich nur schlecht einnisten. Es kommt zum Abort bzw. Resorption. Infolgedessen ist auch die Trächtigkeitsrate vermindert. Da das Saugen für das Muttertier auch eine Art Stressfaktor darstellt, wird vermehrt β -Endorphin ausgeschüttet, welches wiederum eine Absenkung der für den Östrus wichtigen Hormone GnRH, FSH und LH zur Folge hat (Knox, 2005, Soede et al., 2011). Aus diesem Grund befindet sich das Schwein während der Säugezeit im sogenannten Laktationsanöstrus (Hühn, 2004b, Soede et al., 2011). Eine Verkürzung der Säugezeit und zu frühes Absetzen ist somit aus Sicht der Fruchtbarkeit kritisch zu betrachten.

2.4.2. Wurfgröße

Die Anzahl geborener Ferkel ist ein entscheidendes Merkmal der Fruchtbarkeitsleistung von Sauen. Sie bestimmt unter anderem die Rentabilität der Ferkelerzeugung (Lawlor & Lynch, 2007). Moderne Rassen sind heutzutage viel leistungsfähiger als ihre Vorfahren (Brüssow & Wähner, 2008). Die Genetik (Rasse bzw. Kreuzungsgenotyp) des Schweines hat

somit Einfluss auf die Wurfgröße (Plonait, 2004a, Heusing et al., 2005, Hoffschulte & Scholz, 2006, Silva et al., 2013), obgleich sich die Heritabilitätsschätzwerte auf einem vergleichsweise niedrigen Niveau ($h^2 \leq 0,2$) bewegen (Bösch et al., 1999, Bolet et al., 2001, Varona et al., 2007, Fernandez et al., 2008, Barbosa et al., 2010, Wolf, 2010, Brandt et al., 2014) (siehe auch Punkt 2.6). Die Fruchtbarkeit wird sowohl durch das Mutter- als auch durch das Vatertier bestimmt. Schmidt et al. beschreibt 1956 noch den alleinigen Einfluss der Sau auf die Wurfgröße. Bösch et al. (1999) hingegen erwähnen einen sehr hohen Einfluss des Ebers auf die Zahl der geborenen Ferkel. Des Weiteren ist die Größe des Wurfes abhängig von Umwelteinflüssen und Fütterung (Swinbourne et al., 2014). Sie wird negativ durch einen Vitamin-A-Mangel beeinflusst (Meyer & Coenen, 1995). Die Jahreszeit und der Geburtsmonat sollen allerdings keine Rolle spielen. Die Wurfnummer hat ebenso Einfluss darauf, wie viele Ferkel geboren werden. Die Wurfgröße ist im ersten Wurf noch relativ niedrig und erreicht ihr Maximum im 4. bis 6. Wurf (Bösch et al., 1999). Ebenso ist das Alter der Sau entscheidend (Schmidt et al., 1956). Weiterhin hat die Art der Belegung Einfluss auf die Wurfgröße. Bösch et al. (1999) erzielte mittels künstlicher Besamung 0,1 LGF mehr als im Natursprung. Eine mögliche Erklärung hierfür wäre die bessere Kontrolle des Spermas bei dessen Einsatz in der künstlichen Besamung.

Die Wurfgröße hat Einfluss auf die Dauer der Trächtigkeit. Würfe mit einer geringeren Zahl an Föten tragen oft länger als 116 Tage. Es wird vermutet, dass bei Würfen mit einer größeren Anzahl Ferkel, auch mehr Kortisol produziert wird, was wiederum zu einem verfrühten Eintritt der Geburt

führt. Allerdings steigt bei Frühgeburten auch das Risiko des Auftretens von Totgeburten. Je kürzer also die Trächtigkeit andauert, umso mehr Ferkel sind zu erwarten, wobei der Anteil lebend geborener Tiere deutlich geringer ist (Hühn, 2004b). Mit steigender Wurfgröße nimmt die Zahl der totgeborenen Ferkel zu und die der lebendgeborenen ab (Lawlor & Lynch, 2007; siehe auch Kapitel Ferkelverluste).

Bei der Wurfgröße gibt es unterschiedliche Parameter. Man unterscheidet die insgesamt geborenen Ferkel pro Wurf (IGF), die Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF) und die aufzuchtfähigen Ferkel (AFF), welche diejenigen sind, die am Tag nach der Geburt zur Aufzucht zur Verfügung stehen (Feuker & Henze, 1982).

Die Angaben der durchschnittlichen Anzahl geborener Ferkel der verschiedenen Rassen befinden sich im Kapitel "Schweinerassen".

2.4.3. Ferkelverluste

Es ist davon auszugehen, dass etwa 15% der Ferkel eines Wurfes entweder tot zur Welt kommen oder in den ersten drei Lebenstagen verenden (Plonait, 2004b). Ferkelverluste nehmen mit steigender Wurfgröße tendenziell zu (Lawlor & Lynch, 2007). Die Ursache hierfür kann - wie oben beschrieben - bereits vor der Geburt liegen beispielsweise durch Infektionen mit Parvoviren, PRRSV oder Intoxikationen des Muttertiers mit Mykotoxinen. Während bzw. nach der Geburt können Haltungsmängel und schlechte Hygiene zu Ferkelverlusten führen (Meyer & Müller, 2006). Die Folge sind lebensschwache Ferkel bzw. Kümmerer. Neben der notwendi-

gen Eisensupplementation spielt - unter anderem wegen des fehlenden braunen Fettgewebes (Shankar et al., 2009, Roy et al., 2014)- das Geburtsgewicht der Tiere (Mitchell et al. 2012a,b, Brandt et al., 2014) eine entscheidende Rolle. Bei Saugferkeln mit einem Gewicht von unter 1kg sind Verluste von mehr als 50 % zu erwarten. Bei einer Geburtsmasse von über 2kg ist hingegen nur mit etwa 10% Verlust zu rechnen (siehe Abb. 1).

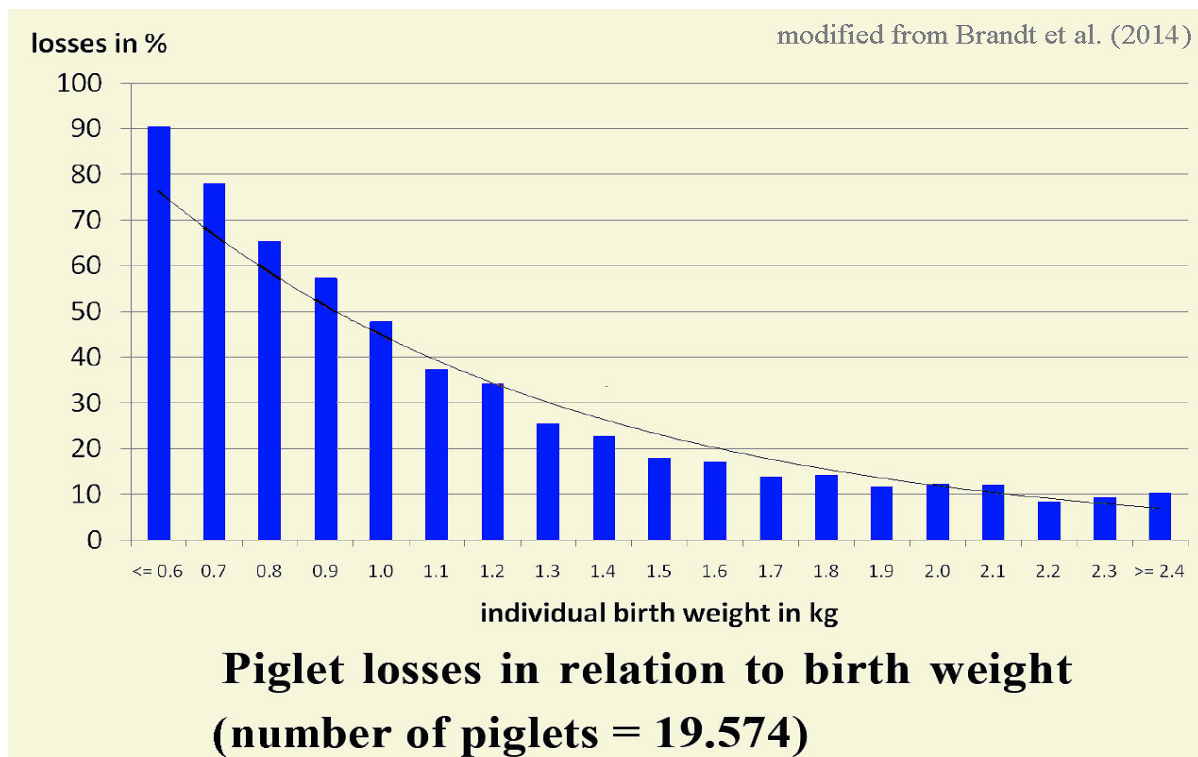


Abb. 1: Ferkelverlustraten in Relation zum Geburtsgewicht (Brandt et. al, 2014)

Generell sind zudem in Freilandhaltung höhere Ferkelverluste zu erwarten als bei Stallhaltung (Berger et al., 1997).

Die Geburtsgewichte sind abhängig von der Rasse und werden somit durch die Genetik bestimmt. Ebenso wird vermutet, dass eine geringe Streuung der Gewichte in einem Wurf erblich bedingt ist. Auch Puerperalstörungen des Muttertiers spielen eine Rolle. Durch solche Erkrankungen sind 4 - 5,5 % höhere Verluste zu verzeichnen. Eine entsprechende antibiotische und entzündungshemmende Behandlung der Muttertiere ist deshalb angezeigt. Durch Intensivreinigung und Desinfektion lassen sich die Verluste um bis zu 2,5 % senken (Hoy, 2012). Ebenso sollte bereits bei den ersten Anzeichen einer Erkrankung der Jungtiere eine Behandlung erfolgen, um Schäden einzudämmen. Bei Jungsauen sind die Ferkelverluste oft ausgeprägter als bei multiparen Tieren im 2. und 3. Wurf. Bei älteren Tieren nehmen die Abgänge der Ferkel durch Erdrücken zu, da die Tiere schwerfälliger sind. Außerdem kommt es hierbei häufig zu Kümmern, da das Gesäuge nicht mehr voll funktionsfähig ist. Mit einem Anteil von 36 – 47 % an den Gesamtverlusten stellt das Erdrücken die Hauptursache für Saugferkelverluste dar (Hoy, 2012). Dennoch sind die Gründe für die Verluste von Betrieb zu Betrieb verschieden. Prinzipiell sind entsprechende Managementmaßnahmen bei neugeborenen Ferkeln zu verrichten, wie beispielsweise das Trockenreiben, die Nutzung von Heizstrahlern, ausreichende Kolostrumaufnahme, Nabeldesinfektion etc., um die Abgänge bei Jungtieren gering zu halten (Andersen et al., 2009; Shankar et al., 2009, Hoy, 2012). Bauliche Vorrichtungen, wie das Engstellen des Kastenstandes in den ersten Lebenstagen, die Verwendung von

Klappbügel und tiergerechten Fußbodenbelägen sowie der Verzicht auf einen erhöhten Sauenstand gegenüber dem Ferkellaufbereich, können ebenso zur Senkung von Verlusten beitragen (Meyer & Müller, 2006, Hoy, 2012). Weber et al. (2006) konnten hingegen keine Erhöhung der Verlustrate bei einer Haltung der Sau ohne Fixation feststellen. Zwar war in deren Studie die Rate der erdrückten Tiere höher, es verstarben jedoch weniger Ferkel an anderen Ursachen.

Hohe Ferkelverluste sind auch ein tierschutzrelevantes Problem. Ebenso beeinflusst die Zahl der aufgezogenen Ferkel maßgeblich die Wirtschaftlichkeit des ferkelerzeugenden Betriebes (Lawlor & Lynch, 2007, Kraeling & Webel, 2015). Bis zu 28 Ferkel pro Jahr sollte jede Sau aktuell als Aufzuchtleistung erbringen können. Darüber hinaus ist der Einsatz von Schlachtsauen der vorhergehenden Wochengruppe als Ammen oder auch die Verwendung von technischen Ammen bzw. der Einsatz von Jungsauen als Ersatzmuttertiere möglich, um die Verluste bei größeren Würfen einzudämmen und das eigentliche Muttertier somit zu entlasten (Hoy, 2012). Hoy (2015) erwähnt außerdem die Ferkelwache und die Beifütterung als Maßnahme zur Verbesserung der Aufzuchtleistung.

Zu den perinatalen Verlusten zählen die Totgeburten. Bei ihnen handelt es sich entweder um bereits im Mutterleib verstorbene, zum Teil mumifizierte Tiere oder um Ferkel, die während der Geburt verenden. Bei den Verlusten während des Geburtsvorganges besteht ein Zusammenhang zur Wurfgröße. Je mehr Ferkel das Muttertier austrägt und umso länger die Geburt dauert, desto höher steigt das Risiko, dass ein Teil des Wurfs tot zur Welt kommt. Es betrifft meist das letzte Drittel des Wurfs (Plonait, 2004b).

Eine Reihe von angeborenen Gendefekten kann zu signifikanten wirtschaftlichen Einbußen in der Ferkelaufzucht führen (Walters, 2010). Zu den häufigsten Geburtsdefekten zählen Hodenfehlentwicklung (Binnen-eber) sowie Hoden- bzw. Nabelbrüche (Sevillano et al., 2015). Nachfolgend werden bekannte Missbildungen jeweils kurz beschrieben.

2.4.4. Missbildungen

2.4.4.1. Atresia ani

Die Afterlosigkeit (Atresia ani), welche im Durchschnitt mit einer Häufigkeit von 0,1 - 1 % auftritt, geht mit hoher Wahrscheinlichkeit auf einen polygen-gesteuerten Mechanismus zurück. Die porcinen Chromosomen 1, (3), 9, und 12 beherbergen Genregionen, die mit dem Auftreten von Afterlosigkeit assoziiert sind (Wiedemann et al., 2005, Wimmers, 2007). Man unterscheidet drei Formen: Die Atresia ani simplex, die Atresia ani et recti und die Atresia ani als Rektovaginalfistel. Bei der einfachen Form verschließt lediglich eine dünne Hautmembran den After. Eine chirurgische Behandlung ist möglich. Bei der Atresia ani et recti endet das Rectum vor oder im Becken. Die Therapie dieser Form ist in den meisten Fällen unwirtschaftlich und führt zur Merzung der Tiere. Sauen mit einer Rektovaginalfistel können trotzdem die Schlachtreife erreichen (Waldmann & Plonait, 2004).

2.4.4.2. Hernia scrotalis und Hernia inguinalis

Ein Hodensackbruch (Hernia scrotalis) entsteht, wenn sich Darmschlingen in den Processus vaginalis verlagern. Beim Leistenbruch (Hernia inguinalis) fällt das Bauchfell durch den Leistenring vor. Bei beiden Fällen ist dieser unphysiologisch erweitert. Beide Erkrankungen sind angeborene, erbliche Defekte. Sevillano et al. (2015) geben einen Heritabilitätsschätzwert von $0,31 \pm 0,01$ an. Eine chirurgische Therapie kann vorgenommen werden. Im Falle des Hodensackbruchs geschieht dies im Zuge der Kastration. Von der Weiterzucht mit solchen Tieren, deren Geschwister und auch deren Eltern wird abgeraten (Waldmann & Plonait, 2004, Walters, 2010, Sevillano et al., 2015).

2.4.4.3. Hernia umbilicalis

Bei einem Nabelbruch (Hernia umbilicalis) kommt es zur Ausstülpung von Baueingeweiden durch den unnatürlich geweiteten Nabelring. Man geht davon aus, dass für diesen Defekt eine erbliche Ursache besteht. Ding et al. (2009) fanden mit dem Auftreten von Hernia umbilicalis assoziierte Polymorphismen auf den porcinen Chromosomen 7 und 10. Nabelbrüche kommen mit einer Häufigkeit von 0,1 - 0,2 % vor. Sie können operativ behoben werden (Waldmann & Plonait, 2004, Ding et al., 2009, Walters, 2010).

2.4.4.4. Kryptorchismus

Beim kryptorchiden Eber befindet sich der Hoden außerhalb seiner physiologischen Lage. Beim Binneneber ist er während der embryonalen Entwicklung in der Bauchhöhle verblieben. Alle anderen unphysiologischen Positionen, wie z.B. die Lage in der Leistengegend bezeichnet man als Hodenektomie. Ursache hierfür ist ein Defekt der Gubernakulumfunktion, in dessen Folge der Hodenabstieg ausbleibt. Die Angaben für die Heritabilitätsschätzwerte schwanken zwischen 0,26 (Sevillano et al., 2015) und 0,5 (Mikami & Fredeen, 1979). Die Vererbung dieses Merkmals ist multifaktoriell bedingt und wird phänotypisch erst ausgeprägt, wenn eine bestimmte Grenze eines Wertes überschritten wird. Kryptorchismus tritt mit einer Häufigkeit von 0,2 - 2% auf. Er ist somit die häufigste angeborene Missbildung beim Schwein. Eine chirurgische Korrektur ist indiziert, da trotz unphysiologischer Lage des Hodens, die für den Ebergeruch des Fleisches verantwortlichen Hormone produziert werden. Eine Kastration ist allerdings nur wirtschaftlich rentabel, solange sie bei dem Tier von inguinaler Position durchgeführt werden kann. Sind die Ferkel schwerer als 40kg muss auf die weitaus kompliziertere und somit mit höheren Kosten verbundene Operationstechnik in der Flanke zurückgegriffen werden. Auch bei diesem Defekt sollte auf die Weiterzucht mit Geschwister- und Eltern-tieren verzichtet werden (Plonait, 2004c, Walters, 2010, Sevillano et al., 2015).

2.4.4.5. Hermaphroditismus

Als Hermaphroditismus bezeichnet man das Auftreten beider Geschlechtsorgane bei einem Tier. Diese werden als sogenannte Zwitter bezeichnet. Man unterscheidet echte Zwitter, bei denen die Gonaden männlichen und weiblichen Typs sind und Pseudohermaphroditiden mit ausschließlich männlichen Gonaden (Plonait, 2004a, Walters, 2010). Die Zellen von Zwittern tragen zu 70% weibliche Geschlechtschromosomen (XX), die morphologische Ausprägung ist allerdings sehr vielfältig. 10 % tragen männliche Geschlechtschromosomen (XY) und 12% sind XX/XY-Typen. Der Rest weist andere karyotypische Anomalien auf. Man unterscheidet zwischen H. ambiglandularis, H. testicularis und H. ovarialis (Bostedt, 1995). Diese Missbildung tritt mit einer Häufigkeit von 0,2 bis 0,5% in Erscheinung, kann aber in bestimmten Herden mit einem hohen Inzuchtanteil deutlich höher liegen (Plonait, 2004a, Walters, 2010).

2.4.4.6. Grätschen

Das Wegspreizen der Hintergliedmaßen beim Saugferkel bezeichnet man als Grätschen. Die Ätiologie dieser Erkrankung ist bisher noch nicht vollständig bekannt, es wird eine multifaktorielle genetische Veranlagung angenommen (Wimmers, 2007, Maak et al., 2009). Ebenso soll ein durch Haltungsmangel erhöhter Glukokortikoidspiegel bei der Muttersau eine Rolle spielen, welcher zu einer verlangsamten Reifung der Skelettmuskulatur beim Ferkel führt. Therapeutisch kann man die Hintergliedmaßen zusammenbinden, um die Fortbewegung zu erleichtern. Prinzipiell drohen

hohe Verluste durch Erdrückung der nicht fluchtfähigen Ferkel (Bickhardt, 2004, Papatsiros, 2012).

2.4.5. Ferkelzittern

Als die sogenannte Myoclonia congenita, welche auch als Ferkelzittern bekannt ist, bezeichnet man eine neurologische Erkrankung bei Saugferkeln (Walters, 2010). Man unterscheidet einen Typ-A-Tremor, welcher typische pathologische Veränderungen wie Kleinhirndefekte und Myelinalterationen aufweist und einen Typ-B-Tremor, bei dem es keine Läsionen zu verzeichnen gibt. Es gibt unterschiedliche Ursachen für Typ-A-Erkrankungen. Zum einen kann eine intrauterine Schweinepestinfektion oder eine Infektion mit einem bisher unbekannten Virus vorliegen, zum anderen weisen bestimmte Rassen wie Schwedische Landrasse und British Saddleback eine genetische Komponente auf. Außerdem wurde die Erkrankung nach einer Trichlorfon-Behandlung tragender Sauen beobachtet. Ebenso wurde bei erkrankten Tieren das Aujeszky-Virus und das porcine Circovirus 2 nachgewiesen, ob diese auch als Ursache in Frage kommen, ist bisher nicht bekannt (Wendt & Bickhardt, 2004).

Als Symptome treten klonische Krämpfe auf, die sich allerdings in ihrer Intensität unterscheiden können. Die Bewegungen verlaufen synchron. Die Ferkel zittern in unterschiedlichen Positionen, meist auch unmittelbar nach der Geburt. Ist eine Nahrungsaufnahme gewährleistet, klingen die Symptome nach 2-3 Wochen ab und die Ferkel genesen (Wendt & Bickhardt, 2004, Walters, 2010)

2.5. Zotechnische & diagnostische Methoden in der Fruchtbarkeit

2.5.1. Natursprung und künstliche Besamung

Im folgenden Abschnitt soll hauptsächlich auf die Vor- und Nachteile der künstlichen und natürlichen Besamung eingegangen werden sowie deren eventuelle Auswirkung auf die Fruchtbarkeitsleistung.

Die Besamung einer Zuchtsau erfolgt entweder durch die instrumentelle, künstliche Besamung oder den natürlichen Deckakt mittels direkten Sexualkontakts zu einem Zuchteber.

Im Vergleich zur künstlichen Besamung nimmt heutzutage der Natursprung in der Schweinezucht nur noch eine untergeordnete Rolle ein. 2005 wurden etwa 90% der Würfe durch künstliche Besamung erzeugt. Es dominiert dabei die Eigenbestandsbesamung mit etwa 98% (Busch & Waberski 2007). Hauptsächlich werden Pietrain und Kreuzungseber eingesetzt. Eber der Deutschen Landrasse und des Deutschen Edelschweins werden meist in der Reinzucht verwendet (Meyn, 2005). Die künstliche Besamung dient beispielsweise zur Bildung von Hybridzuchtlinien mit bestimmten Eigenschaften. Ziel ist dabei die Erzeugung sogenannter Masthybriden. Der Vorteil einer KB ergibt sich daraus, dass die Bestandsgröße der dafür eingesetzten Vatertiere möglichst gering gehalten werden kann. Des Weiteren lassen sich durch die instrumentelle Besamung verbesserte Besamungsergebnisse erzielen (Zelfel & Müller, 2007). Ein weiterer Vorteil der künstlichen Belegung ist die Unterbrechung von Infektionsketten. Außerdem werden die betriebswirtschaftlichen Kennwerte verbessert. Weiterhin ist die instrumentelle Besamung Voraussetzung für die Arbeit mit

hormonellen Synchronisationsprogrammen, um ein zeitgleiches Abferkeln mehrerer Tiere möglich zu machen.

Man unterscheidet zwischen der eher selten durchgeführten Fernbesamung durch einen Besamungsbeauftragten der Besamungsstation, der ebenso wenig praktizierten Standortbesamung, bei der die Sau an den Ort der Besamung transportiert werden muss und der am häufigsten eingesetzten Eigenbestandsbesamung, bei der der Samen an den Betrieb zugestellt wird (Wähner, 2012).

Außerdem ist zu erwähnen, dass viele einzelne Faktoren, wie z.B. die richtige Brunstdiagnose, der Inseminationstermin, die Individualität des Einzeltieres, die Samenqualität, Klima, Haltung usw. den Erfolg der künstlichen Besamung beeinflussen (Wähner & Müller 2008).

2.5.2. Trächtigkeitsuntersuchung

Eine frühe und sichere Feststellung der Trächtigkeit ist notwendig, damit der Betrieb teure Leertage vermeiden kann. Hierfür kann man unterschiedliche Methoden anwenden. Zum einen ist ein Nachweis per Echolot-Gerät möglich. Dies kann man ab dem 28. bis 30. Trächtigkeitstag einsetzen. Nachteil dieser Methode ist, dass das Gerät auch positive Signale bei Flüssigkeitsansammlungen anderen Ursprungs wie Pyometra, Zysten oder eine gefüllte Harnblase sendet. Zum anderen kann man die Trächtigkeitskontrolle ab dem 15. Trächtigkeitstag mit einem Doppler durchführen, allerdings werden hier häufig Fehldiagnosen durch Fremdgeräusche gestellt. Eine nahezu einhundert prozentige Aussagesicherheit kann man bei der

Untersuchung mittels bildgebendem Ultraschallscan erzielen, falls dieser zwischen dem 22. und 23. Trächtigkeitstag durchgeführt und am 40. Tag wiederholt wird (Brüninghoff, 2004). Eine Umrauschkontrolle 18 bis 24 Tage nach der Belegung sollte mit einem sexuell aktiven Eber durchgeführt werden (Wähner, 2012). Eine reine Trächtigkeitskontrolle mittels Sucheber ist nicht zu empfehlen, da manche Tiere auch durch den Frühtod der Embryonen oder durch Zyklusabweichungen nicht nach dem physiologischen Zyklusintervall erneut in Rausche kommen. Ebenso ist es möglich mit rein adspektorischen Methoden durch die Beurteilung des Leibesumfangs oder der Gesäugeleiste eine Trächtigkeit zu diagnostizieren. Allerdings ist dies erst in einem sehr späten Stadium der Trächtigkeit durchführbar und somit neben einer hohen Fehlerbehaftung auch wirtschaftlich unrentabel. Der Trächtigkeitsnachweis kann außerdem mittels Hormonanalysen im Blut oder Kot erfolgen. Hierbei wird der Progesterongehalt zwischen 20. und 21. Tag nach der Besamung gemessen (Bostedt & Wehrend, 2013). Die Östrogenkonzentration im Urin kann zwischen dem 26. und 30. bzw. ab dem 85. Trächtigkeitstag analysiert werden. In diesen Zeitabschnitten scheidet das Schwein während der Trächtigkeit vermehrt Östrogen aus (Bostedt, 1995). Der Östronsulfat-Gehalt kann zwischen dem 20. und 30. Trächtigkeitstag mittels Serumanalyse bestimmt werden (Bostedt & Wehrend, 2013). Eine weitere Möglichkeit zur hormonellen Bestimmung der Gravidität ist die Messung von Prostaglandin-Metaboliten im Blut. Dies sollte zwischen dem 13. und 17. Trächtigkeitstag erfolgen. Sind diese Metabolite nicht nachweisbar, ist dies ein Hinweis auf ein Bestehen der Trächtigkeit. Dieses Verfahren ist allerdings durch die Möglichkeit von Uterusinfektionen oder Eierstockzysten relativ fehlerbehaftet. Außerdem

ist noch die Möglichkeit der rektalen Trächtigkeitsuntersuchung zu erwähnen. Hierbei wird die Stärke der Arteria uterina ertastet (Bostedt, 1995).

2.6. Fruchtbarkeit als Leistungsmerkmal

Seit mehreren Jahren gewinnt die Fruchtbarkeit als Leistungsmerkmal zunehmend an Bedeutung und wird vermehrt in die Zuchtwertschätzung einbezogen (Müller, 2007). Sie kann über mehrere Merkmale unterschiedlicher Heritabilität definiert werden. Als Heritabilität bezeichnet man die Erblichkeit bzw. im engeren Sinne den Anteil der additiv genetischen Varianz an der messbaren phänotypischen Varianz eines bestimmten quantitativen Merkmals (Visscher et al., 2008). Ob eine Eigenschaft phänotypisch ausgeprägt wird, hängt folglich sowohl von den Umwelteinflüssen als auch von den Genen ab. Die Heritabilität verschiedener Fruchtbarkeitsmerkmale insgesamt stellt sich mit $h^2 = 0,05 - 0,20$ (tlw. bis 0,30, Gernand et al., 2010) als sehr gering dar (Freyer & Mayer, 2012). Es stellt sich also die Frage, inwieweit die Fruchtbarkeit durch Selektion überhaupt beeinflussbar ist. Die niedrige Erblichkeit ist außerdem ein Ausdruck der hohen Empfindlichkeit gegenüber Umwelteinflüssen (Täubert & Henne, 2003; Wähner, 2007). Betrachtet man einzelne Fruchtbarkeitsmerkmale, findet man in der Literatur für Heritabilität des Zwischenwurfabstands Angaben von 0,02 (Norris et al., 2006) bzw. 0,09 (Tholen et al., 1995). Die der insgesamt geborenen Ferkel liegt zwischen 0,05 und 0,12 (Meyer & Coenen 1995). Im Sinne der Ferkelerzeuger spielt vor allem die Anzahl der lebend geborenen und abgesetzten Ferkel eine entscheidende Rolle. Trotz niedriger Heritabilität werten immer mehr Zuchtprogramme die Fruchtbarkeit des Muttertieres als den Merkmalskomplex mit der größten

ökonomischen Bedeutung. Die Reproduktionsleistung gewinnt somit mehr und mehr an Bedeutung (Wähner, 2007, Hoy, 2013, 2015). In den letzten Jahrzehnten (bis ca. 2010) gab es zunächst nur kleinere Fortschritte bei der Zucht auf Fruchtbarkeitsleistung, da andere Merkmale wie Mast- und Schlachtkörperqualität eher im Vordergrund standen (Reiner, 2006, Gernand et al., 2010).

Man unterscheidet prinzipiell zwischen Mastleistung, Schlachtkörperwert, Fleischqualität, Zuchtleistung sowie Funktionalen Merkmalen. Hierzu zählt u.a. die Nutzungsdauer und die Mütterlichkeit (Müller & Geschwender, 2007). Die Anzahl lebend geborener Ferkel sowie die Zahl aufgezogener Ferkel werden beim Leistungsmerkmal „Zuchtleistung“ erfasst (Littmann et al., 2006). Ein Problem stellt die späte Ausprägung von Fruchtbarkeitsmerkmalen dar. Um im Rahmen der Reinzucht selektieren zu können, spielen vor allem die additiv-genetischen Effekte eine Rolle (Visscher et al., 2008). Der für die weibliche und männliche Fruchtbarkeit sehr profitable Heterosiseffekt zählt allerdings zu den nicht-additiven genetischen Effekten. Er spielt hauptsächlich in der Kreuzungszucht eine Rolle (Cassady et al., 2002, Wysokińska & Kondracki, 2013). Die dadurch erzielten positiven Effekte sind allerdings nicht erblich. Weiterhin kommt erschwerend hinzu, dass die Ausprägung der vererbten Merkmale oft durch diverse Umwelteinflüsse verklärt werden kann, wie z.B. Infektionen, Fütterungsfehler oder Haltungsmängel. Es bedarf also einer korrekten Erfassung mittels großer Tierzahlen und geeignete statistische Methoden. Des Weiteren benötigt man für eine aussichtsreiche Selektion ein entsprechend gutes genetisches Ausgangsmaterial sowie eine Selektionsstrategie, die

mit sehr viel Aufwand verbunden ist. Hilfreich ist mittlerweile der Einsatz von Genmarkern, um bereits anhand des Genotyps (ohne gleichzeitig bekannte phänotypische Leistung) eine Zuchtentscheidung treffen zu können (Reiner, 2006, Lillehammer et al., 2011, 2013).

Mittlerweile lässt sich auch in Deutschland ein positiver Trend zu höheren Reproduktionsleistungen erkennen, welcher sich neben einem verbesserten Fütterungs- und Managementprogramm auch auf die Verbesserung der Genetik zurückführen lässt. Bei einigen Rassen verschiedener Zuchtunternehmen bzw. Zuchtverbände ist die Anzahl (lebend) geborener Ferkel/Sau und Jahr in den letzten Jahren erheblich gestiegen. Außerdem haben sich die Ferkelverluste verringert bzw. sind stabil geblieben. Dies zeigt, dass trotz relativ niedriger Heritabilität der Fruchtbarkeitsmerkmale ausreichend hohe genetische Variation vorhanden ist. Allerdings muss ebenso eine weitere Verbesserung der Umwelteinflüsse durch ein optimiertes Management erfolgen (Wähner, 2007, Hoy, 2013, 2015).

2.7. Schweinerassen

2.7.1. Deutsche Landrasse

Die Landrasse ist Ende des 19. Jahrhunderts aus vielen verschiedenen Landschweinelinien entstanden. Eine besondere Rolle spielte hierbei das Marschschwein und Yorkshires (Sambraus, 2001). Ziel war es, die verbreitete Gruppe der Landschweine zu verbessern und dabei die guten Eigenschaften wie Robustheit und Bodenständigkeit zu erhalten. Die Landrasse hat mit dem bodenständigen Landschwein den gleichen Ursprung wie das Edelschwein. Sie ist durch Veredelung dessen entstanden, das Edel-

schwein hingegen durch eine Verdrängungszüchtung. Es wurde bereits zu Beginn des 20. Jahrhunderts auf Ausstellungen zwischen diesen beiden Rassen unterschieden. Die Veredelung ging hauptsächlich auf den Einsatz von bäuerlichen Züchtungen zurück. Durch veränderte Verbrauchererwartungen in den 50er Jahren wurde vermehrt auf einen hohen Fleischanteil und mageren Schlachtkörper Wert gelegt anstatt auf die Züchtung von Schweinen mit einem hohen Fettanteil. Die (Deutsche) Landrasse wurde mit Schweinen holländisch-dänischen Ursprungs veredelt, um einen höheren Fleischanteil zu erreichen (Zorn, 1968). Bis 1968 bezeichnete man die Rasse als „veredeltes deutsches Landschwein“. Erst durch die Umzüchtung wurde sie in „deutsche Landrasse“ umbenannt. Seit Mitte der 80er Jahre wird die Rasse auf Stresstabilität selektiert. Dieses Ziel ist heute erreicht. Die stressstabile Linie wird als DLS (Deutsche Landrasse Sauenlinie) bezeichnet (Sambras, 2001). Ihre Kennzeichen sind Großwüchsigkeit sowie ein langer Körper. Die Schweine haben weiße Borsten und eine weiße Haut sowie charakteristische Hängeohren (Horst & Gregor 1997). Sie zeichnen sich durch eine sehr gute Mastleistung und hohen Fleischanteil aus. Sie sind frohwüchsig, fruchtbar und besitzen eine hohe Aufzuchtleistung. Sie kommen in letzter Zeit nur noch hauptsächlich als Mutterrasse zur Erzeugung von Hybridschweinen zum Einsatz (Sambras, 2001). Dies führt unter anderem dazu, dass der Bestand dieser Rasse und somit auch die Zahl der Züchtervereinigungen immer mehr zurückgehen. Inzwischen befindet sich das Deutsche Landrasse Schwein auf der roten Liste der gefährdeten Schweinerassen und wird dort als Beobachtungspopulation geführt (<http://www.agrarheute.com/news/gefaehrdete-schweinerassen-deutschland>; agrarheute, 2014). Sauen der Deutschen Landrasse werfen

im Durchschnitt 2,46 mal pro Jahr und haben eine Zwischenwurfzeit von 148,9 Tagen (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013) bzw. 150,0 Tage (Freyer & Mayer, 2012). Pro Wurf werden nach Angaben des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V. durchschnittlich insgesamt 13,9 Tiere geboren. Die Angaben von Freyer und Mayer belaufen sich bei diesem Parameter auf 12,31 Tiere. Die LGF pro Wurf beträgt 12,6 (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013) bzw. 11,35 (Freyer & Mayer, 2012). Laut Tierzuchtreport Brandenburg betrug die LGF im Jahre 2013 für die Deutsche Landrasse sogar im Mittel 13,5. Die Anzahl totgeborener Ferkel beläuft sich auf 0,95 (Freyer & Mayer, 2012).

2.7.2. (Deutsches) Edelschwein, Large White

Wie bereits bei der Deutschen Landrasse erwähnt, haben diese und das Deutsche Edelschwein den gleichen Ursprung. Es ist Mitte des 19. Jahrhunderts aus Yorkshire- und Marschschwein durch Verdrängungszucht entstanden. Die reine Züchtung der Yorkshireschweine erbrachte nur ungenügende Leistungen für die Merkmale Fruchtbarkeit und Muttereigenschaften, welche allerdings beim Marschschwein vorhanden waren. Es wurde somit versucht die positiven Eigenschaften des deutschen Landschweines zu erhalten und die nachteiligen Merkmale wie Spätreife und schlechte Futterverwertung zu verdrängen. Es wurde bereits frühzeitig auf Fleischmerkmale gezüchtet. Der Begriff „Deutsches weißes Edelschwein“ wird seit der Jahrhundertwende geführt und wurde erstmals durch den Züchter MEYER in Thüringen erwähnt (Zorn, 1968). In der Schweiz ist die-

se Rasse seit 2002 in eine Mutter- und Vaterlinie unterteilt, welche sich in ihren Merkmalen unterscheiden.

Edelschwein Mutterlinie (EV)

Die Mutterlinie des Edelschweins zeichnet sich durch eine gute Fruchtbarkeitsleistung mit regelmäßigen Würfen und einer hohen Anzahl von Jungtieren aus (Herzog & Guggisberg, 2011). Es besitzt ein robustes Fundament und sehr gute Muttereigenschaften. Die Muttertiere werden, ebenso wie bei den Landrassesauen, zur Erzeugung von Hybridsauen, genutzt (SUISAG, 2014).

Edelschwein Vaterlinie (ESV)

Die Edelschwein Vatertiere besitzen eine hervorragende Fleischqualität. Sie sind frohwüchsig und haben einen homogenen Schlachtkörper. Sie gelten als stressstabil (SUISAG, 2014).

Sowohl die Mutter-, als auch die Vaterlinie ist durch weiße Borsten und weiße Haut, stehende Ohren sowie eine Eindellung in der Nasenlinie gekennzeichnet. Es ist großwüchsig und mittellang (Sambraus, 2001, SUISAG, 2014). Die Zahl der Würfe pro Jahr beträgt 2,44. Die Zwischenwurfzeit liegt bei 149,8 Tagen. Pro Wurf bringt die Deutsche Edelschweinsau 13,4 Ferkel zur Welt, die Zahl der LGF beläuft sich hierbei auf 12,4 Tiere (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013). Leennhouters und Merks (2013) vermerken für das Large White Schwein eine LGF von 11,5 und eine AUF von 9,4 Tieren. Angaben aus Brandenburg: In der Fruchtbarkeitsleistung erreichten Reinzuchtsauen

des Deutsches Edelschwein im Mittel 12,9 lebend geborene Ferkel je Wurf (Tierzuchtreport Brandenburg, 2013). Freyer und Mayer (2012) erzielten in ihren Versuchen eine ZWZ von 154,2 Tagen. Die Wurfgröße betrug 12,2 Tiere und die LGF 11,3. Die Rate der totgeborenen Ferkel lag bei 0,89 Schweinen.

2.7.3. Pietrain

Diese Rasse stammt ursprünglich aus Belgien, dort kamen sie 1919/20 erstmals vor. Ihre Entstehung ist bis heute nicht genau bekannt oder nachgewiesen. Man vermutet, dass sie aus der französischen Rasse Bayeux entstanden ist, welche Soldaten am Ende des 1. Weltkrieges in die belgische Region Pietrain importiert haben. Eine weitere Theorie vermutet, dass sich diese Rasse durch Mutation z.T. von englischen Berkshireschweinen entwickelt hat (Zorn, 1968; Sambras 2001). Sie wurde Ende der 50er Jahre nach Deutschland importiert. Die Tiere sind mittelrahmig und sind durch eine weiße bis graue Grundfarbe mit schwarzen oder braunen Flecken gekennzeichnet. Sie haben kurze Stehohren. Pietrain-Schweine verfügen über eine ausgezeichnete Fleischfülle mit ausgeprägter Schinkenausbildung und geringem Fettansatz (Sambras, 2001, SUISAG, 2014). Inzwischen gibt es auch reinerbig stressstabile Zuchtlinien, die somit die negative Beeinflussung der Fleischbeschaffenheit vermeiden (SUISAG, 2014). Aufgrund des hohen Fleischanteils kommt dieser Rasse eine sehr große Bedeutung als Vater von Masthybriden zu (Horst & Gregor 1997). Ihr Schlachtgewicht liegt bereits bei 90- 95kg (Strack, 2005). Pietrain-Sauen werfen durchschnittlich 2,36 mal pro Jahr. Die Zwischenwurfzeit beträgt 154,9 Tage. Pro Wurf werden insgesamt 11,3 Ferkel

geboren, davon beträgt die Zahl der LGF 10,3 (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013).



Abb. 2: Pietrain Jungsau © A.M. Scholz

2.7.4. Duroc

Die Duroc-Schweine stammen aus den USA. Man vermutet, dass sie ihren Ursprung 1849 durch den Import von roten Schweinen aus Guinea haben. Ebenso stammen die Vorfahren dieser Rasse von rotfarbigen Schweinen spanischer Siedler ab. Sie wurden als drei verschiedene Linien geführt, welche letzten Endes als Duroc-Jerseys vereint wurden. Die Tiere sind großrahmig, haben Hängeohren und sind durch eine hellrote bis rotbraune

Färbung gekennzeichnet. Ab und zu weisen sie schwarze Flecken auf. Sie zeichnen sich durch Robustheit sowie gute Futterverwertung aus (Sambraus, 2001). Duroc-Sauen sind produktiv und besitzen gute Muttereigenschaften (IMS, 2001). Des Weiteren haben sie im Vergleich zu anderen Rassen einen hohen intramuskulären Fettgehalt von über 2 %. Sie werden sowohl zur Erzeugung von F1-Sauen und –Ebern genutzt, als auch zur Produktion von Masthybriden (Horst & Gregor, 1997). Bei der Zuchtleistung können Duroc-Schweine im Durchschnitt 2,30 Würfe pro Jahr vorweisen mit einer Zwischenwurfzeit von 159,0 Tagen. Insgesamt werden pro Wurf im Mittel 11,5 Ferkel geboren, davon beträgt die LGF durchschnittlich 10,6 (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013).



Abb. 3: Duroc Jungsau © A.M. Scholz

2.7.5. Hampshire

Diese Schweinerasse hat ihren Ursprung in den USA. 1825 wurden britische Saddleback-Schweine aus der englischen Grafschaft Hampshire in die USA exportiert. Sie gilt dort als die weitverbreitetste Rasse. Es existieren ebenso in mehreren europäischen Ländern verschiedene Zuchtlinien. Ein Zuchtverband in den USA besteht seit 1893 (National Swine Registry, 2013). Phänotypisch sind sie durch schwarze Borsten mit einem weißen Schultergürtel und stehenden Ohren gekennzeichnet. Sie verfügen über sehr gute Muttereigenschaften (Sambras, 2001). Ihre Vertreter gelten als sehr robust und widerstandsfähig und haben neben einem hohen

Fleischanteil auch eine gute Fleischbeschaffenheit. Sie werden hauptsächlich als Basis für die Erzeugung von Kreuzungsebern - häufig mit der Rasse Pietrain - genutzt. Für die Fleischverarbeitung, insbesondere für die Kochschinkenherstellung, ist der sogenannte Hampshire-Faktor von Bedeutung. Es handelt sich dabei um einen Erbfehler dieser Rasse, welcher zu einem sehr niedrigen End-pH-Wertes des Fleisches führt. Dieser wirkt sich wiederum negativ auf die Verarbeitung dessen aus (Horst & Gregor, 1997). Hampshire-Sauen werfen im Durchschnitt 2,17-mal pro Jahr mit einem Abstand von 168,5 Tagen. In Mecklenburg Vorpommern werden im Mittel pro Wurf 6 Ferkel geboren. Die Zahl der LGF beträgt 5,5 Tiere. Die Fruchtbarkeitsergebnisse der Rasse Hampshire sind jedoch nicht repräsentativ, da die Anzahl der Herdbuchsauen mit $n=3$ zu niedrig ist (Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V., 2013). Jüngere Zahlen liefert der Schweizer Schweinezuchtverband (Stand 2014, siehe Tabelle 4, Diskussion).



Abb. 4: Hampshire Zuchtläufer (Außenklimastall Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz

2.7.6. Large Black

Die Rasse Large Black, welche auch als „Cornwall-Schwein“ bezeichnet wird, kommt ursprünglich aus England und ist dort im 19. Jahrhundert aus der Durchkreuzung von unveredelten Landschweinen mit kleinen schwarzen portugiesischen und neapolitanischen Schweinen entstanden (Schmidt et al., 1956, Dohner, 2001). Anfänglich existierten zwei verschiedene Schläge. Aus den Regionen Cornwall und Devon stammte eine größere und edlere Zuchtrichtung. Aus den Provinzen Essex und Suffolk entstand ein robusterer Schlag mit besserer Fruchtbarkeitsleistung. 1899 wurden beide zu einer Rasse zusammengefügt, es wurde ein gemeinsames Herdbuch und eine Zuchtorganisation, die „Large Black Pig Society“ erschaffen. Die Schweine wurden später von England weltweit exportiert (Dohner, 2001, Boettcher, 2006). 1896 kamen die Tiere nach Deutschland. Zunächst wurden sie in Westpreußen gezüchtet. In Deutschland führte man die Bezeichnung „Cornwall Schwein“ ein. Die Rasse wurde nach ihrer Herkunftsregion benannt. Von Westpreußen ging die Zucht nach Niederbayern über. Mitte des 20. Jahrhunderts ist die Zahl der Zuchtschweine stark zurückgegangen (Sambraus, 2001). Ursache hierfür ist die Fettwüchsigkeit dieser Rasse. Das Verbraucherverlangen hat sich nach 1950 verändert, die Nachfrage ging stark zurück. Eine Selektion zu einem fleischwüchsigen Typ blieb eher erfolglos (Zorn, 1968). 1960 wurde die Zucht in Deutschland aufgegeben (Boettcher, 2006).

Die Schweine zeichnen sich durch einen großrahmigen und feinen Körperbau aus. Sie sind schwarz bis dunkelgrau und tragen keine Abzeichen. Sie besitzen schwarze Borsten, große hängende Ohren und einen hochange-

setzten Schwanz. Der Kopf ist breit und die Profillinie nur ein wenig eingedellt. Das Large-Black-Schwein gilt als besonders abgehärtete und anspruchslose Rasse. Es hat eine gute Futterverwertbarkeit sowie gute Muttereigenschaften. Durch seine dunkle Haut ist diese Rasse wenig anfällig gegenüber Sonnenbrand und somit gut für die Robusthaltung geeignet (Dohner, 2001, Sambras, 2001). In England wurden die Tiere hauptsächlich zu Kreuzungszwecken genutzt, insbesondere mit „Large White“ und „Middle White“ (Dohner, 2001, Boettcher, 2006).

Da die Züchtung dieser Rasse in den 1960er Jahren eingestellt wurde, sind aus Deutschland stammende Daten zur Fruchtbarkeit nur von diesem Zeitraum bzw. nur aus den Jahren zuvor zu finden. Deswegen wird auf Informationen aus dem Ursprungsland zurückgegriffen. Das Large-Black-Schwein soll sich durch eine gute Mütterlichkeit und mindestens 12 Zitzen auszeichnen (Walters, 2012, Large Black Pig Breeders Club, 2013). In der älteren Literatur wird die durchschnittliche Wurfleistung mit 9,3 Ferkeln beschrieben (Schmidt et al., 1958). Aktuellere Quellen (Stand 2009) geben hingegen eine durchschnittliche Wurfgröße von 8,56 Ferkeln an (Rare Breeds Survival Trust, 2015), während bei Leenhouders und Mercks (2013) eine Aufzuchtleistung von 9,2 Ferkeln je Large Black Sau und Wurf verzeichnet ist.

Nach Angaben des Large Black Breeders Club (Wood, 2014) und der British Pig Association (BPA) besteht die Rasse derzeit aus 6 Vater- und 24 Mutterlinien (The Pig Site, 2015).



Abb. 5: Large Black Sau (Schweinehütten Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz

2.7.7. Cerdo Iberico

Der Ursprung des iberischen Schweins geht bereits in das 6. Jahrhundert v.Chr. zurück. Es stammt von "Sus Mediterraneus" ab und ist unter Einkreuzungen von alten Hausschweinrassen (Large Black, Berkshire, Wessex-Saddleback, Tamworth, Poland China, Jiaxing und hauptsächlich Duroc-Jersey) aus dem Europäischen Wildschwein entstanden. Bereits die Römer haben diese Rassegruppe auf bewaldetem Weideland gezüchtet

(Lopez-Bote, 1998, Aparicio Tovar & Vargas Giraldo, 2006). Die Zucht ist sehr eng mit dem Ökosystem Mittelmeer verbunden und trägt ebenso zu dessen Erhalt bei. Seine natürlichen Nahrungsquellen sind Gras und Eicheln. Es wird hauptsächlich zur Produktion von hochwertigen Fleischprodukten genutzt (Lopez-Bote, 1998). Nachteilig ist die lange Dauer des Produktionszyklus. Die Ferkel werden meist erst mit 50 Lebenstagen abgesetzt. Die Mastdauer beträgt 24- 36 Monate. Man hat versucht durch den Einsatz von Mischfuttermitteln die Mastperiode zu minimieren und durch die Kreuzung mit „frühen“ Rassen wie Duroc und Jersey die Fruchtbarkeitsintervalle zu verkürzen. In den 1960er und - 70er Jahren wären die Spanischen Schweine durch den Ausbruch der Afrikanischen Schweinepest beinahe ausgestorben (Aparicio Tovar & Vargas Giraldo, 2006). Das Cerdo Iberico-Schwein ist eine sehr robuste Rasse. Es gibt verschiedene Varianten von rot, schwarz und blond, wobei rote und schwarze Tiere am häufigsten vorkommen. Die schwarzen Schweine sind kleiner und haben einen höheren Anteil an intramuskulärem Fett. Es gibt haarlose sowie behaarte Exemplare. Der Hals der Tiere ist kurz, der Rumpf mittellang. Sie haben schmale, kurze Extremitäten sowie pigmentierte Klauen von einheitlicher Farbe. Es werden ihnen gute Muttereigenschaften zugesprochen. Allerdings ist die Fruchtbarkeitsleistung im Vergleich zu anderen Rassen nur sehr gering (Lopez-Bote, 1998). Leenhouwers und Mercks (2013) geben eine Wurfgröße (lebend) von 6,9 Ferkeln und Wurfaufzuchtleistung von 6,5 Ferkeln bei 2,2 Würfen je Sau und Jahr an. Diese Reproduktionsleistungen unterliegen zudem einem starken Einfluss von Jahreszeiten und Fütterung (Daza et al., 2008).

Gómez-Carballar et al. (2013) zeigen beispielsweise den positiven Einfluss einer Lysin-Substitution auf die Fruchtbarkeitleistung.



Abb. 6: Cerdo Iberico Sauen (Quarantänestall Lehr- und Versuchsgut)
© A.M. Scholz

2.7.8. Schwäbisch Hällisches Landschwein

Das Schwäbisch-Hällische Landschwein zählt, wie eine Vielzahl anderer Rassen auch, zu den Sattelschweinerassen. Diese wurden ursprünglich von China nach England importiert und gelangten um 1820 nach Deutschland in die Gegend des Stuttgarter Umlandes. Da es sich in der Region Schwäbisch Hall am besten verbreitet hat, wurde die Bezeichnung „Schwäbisch Hällisches Landschwein“ eingeführt. Es geht, wie das Angler Sattelschwein und das Deutsche Sattelschwein, auf das "British

Saddleback" mit chinesischem Ursprung - dem "Chinesischem Maskenschwein" zurück. Die eingeführten Tiere wurden damals als „Chinesenschweine“ bezeichnet und als eine sehr fruchtbare Rasse mit großer Wurfzahl und ebenso guter Fleischqualität beschrieben. Mit deren Import entstanden in Europa die ersten Hausschweinerassen (Bühler, 1998).

Die phänotypischen Eigenschaften des Schwäbisch Hällischen Schweines haben sich von damals zu heute wenig verändert. Es ist durch einen schwarzen Kopf, Hals, Schwanz und ein schwarzes Hinterteil gekennzeichnet. Der übrige Teil des Körpers ist weiß. Zwischen den weißen und schwarzen Körperregionen befindet sich ein „grauer Sämungstreifen“, welcher durch weiße Borsten auf pigmentierter Haut entsteht. Die Tiere sind großrahmig und haben Schlappohren (Sambraus, 2001). 1925 wurde die erste Züchtervereinigung gegründet, welche auf die Fruchtbarkeit als Zuchtziel besonderen Wert legte. Seinen Höhepunkt erlebte die Zucht des Schwäbisch-Hällischen Schweines in den 50er Jahren. Ein Jahrzehnt später kam es allerdings zu einer drastischen Abnahme der Marktanteile, da vermehrt Wert auf Rassen mit anderen Eigenschaften gelegt wurde, wie z.B. die „holländischen Magerschweine“. Die Zuchtbuchführung musste 1969 eingestellt werden. Die Rasse galt damals als ausgestorben, jedoch wurden in einzelnen Betrieben Restbestände gehalten, dessen Tiere in den 80er Jahren erneut einer Beurteilung als Zuchttiere unterzogen wurden. 1986 wurde erneut eine Züchtervereinigung gegründet. Die Rasse ist bis heute für ihre gute Fleischqualität und Fruchtbarkeitseigenschaften bekannt. Leenhouders und Mercks (2013) geben für das Deutsche Sattel-

schwein eine Wurfgröße (lebend) von 11,0 Ferkeln und Wurfaufzuchtleistung von 9,8 Ferkeln bei (nur) 1,7 Würfen je Sau und Jahr an.



Abb. 7: Schwäbisch Hällisches Landschwein (weiblicher Zuchtläufer) © A.M. Scholz

2.7.9. Wildschwein

Das Wildschwein ist der Ursprung der heutigen Hausschweine, welche durch Domestizierung der Wildform entstanden sind (Krause-Kyora et al., 2013). Man unterscheidet zum einen das europäische Wildschwein, zum anderen das asiatische Wildschwein. Beide haben eine gemeinsame Ausgangsform. Die Untergruppen haben sich durch unterschiedliche umweltbedingte Gegebenheiten entwickelt. Das europäische Wildschwein lebt über einen Großteil des Kontinents verteilt sowie in Teilen Asiens und in Nordafrika. Phänotypische Kennzeichen sind kurze stehende Ohren, ein kräftiger Hals, lange Gliedmaßen sowie ein langer, schmaler und gerader Schädel mit langem und schmalem Tränenbein. Die Nachkommen sind rotgefleckt mit verschiedenfarbigen Streifen, welche allerdings nach 4-6 Monaten verschwinden (Zorn, 1968, Krause-Kyora et al., 2013, Frantz et al., 2015).

Wildschweine sind monoöstrische Tiere. Sie erreichen mit etwa 9 Monaten die Geschlechtsreife. Ihre Hauptauszeit liegt zwischen November und Januar, wobei die meisten Befruchtungen im Dezember erfolgen (Meynhardt, 1990). Die Zykluslänge beträgt 21-23 Tage. Der Östrus dauert in etwa 48h bis maximal 3 Tage an (Henry, 1968). Die Tragezeit liegt im Mittel bei 115,5 Tagen. Sie ist abhängig von der Anzahl der Föten. Je mehr Nachkommen die Sau trägt, umso kürzer ist die Dauer der Trächtigkeit. Ebenso beobachtete Meynhardt (1990) eine Abhängigkeit der Tragezeit von Umwelteinflüssen. Die Anzahl der Föten steigert sich mit zunehmendem Alter der Muttersau. Eine Bache bringt 1 bis 8 Frischlinge zur Welt (Bywater et al., 2010, Veeroja & Männil, 2014). In der Literatur fin-

den sich unterschiedliche Angaben zum Verhältnis zwischen männlichen und weiblichen Nachkommen. Meynhardt (1990) nimmt ein Verhältnis der Geschlechter von 1:1 an. Die Frischlinge saugen meist sehr lang an der Bache. Der Milchfluss versiegt zwischen dem 3. und 4. Lebensmonat (Meynhardt, 1990).



Abb. 8: Wildschweinbache inklusive Frischlinge © A.M. Scholz

3. Material und Methoden

3.1. Versuchstiere

3.1.1. Muttertiere (Muttergenotyp)

Die für die Fruchtbarkeitsanalyse untersuchten Muttertiere stammten vom Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilian-Universität München. Insgesamt wurden die Daten von 2932 Würfen von 875 Tieren in einem Zeitraum von September 1994 bis März 2014 ausgewertet. Jedes Schwein ist durch eine Stall-Nummer in Kombination mit einer EDV-Nummer gekennzeichnet. Jede Sau hat einen bestimmten Genotyp in Bezug auf die Rasse bzw. Kreuzung von Rassen. Es handelte sich zum einen um reinrassige Genotypen, diese waren durch folgende Rassen vertreten:

- Deutsches Edelschwein (DE)
- Deutsche Landrasse (DL)
- Duroc (Du)
- Hampshire (Ha)
- Cerdo Iberico (Ib)
- Large Black (LB)
- Pietrain (Pi)
- Schwäbisch-Hällisches Schwein (SH).

Des Weiteren wurden vor allem Tiere untersucht, deren Genotyp sich aus Kreuzungen der reinrassigen Linien zusammensetzte. Zusätzlich wurde das Europäische Wildschwein (WS) mit Duroc gekreuzt und nachfolgend

für die Erzeugung weiterer Kreuzungsgenotypen unter Verwendung von Large Black, Cerdo Iberico sowie Pietrain genutzt. Diese Anpaarungen erfolgten für die Realisierung einer genomweiten Analyse von Assoziationen zwischen Phänotypen der Körperzusammensetzung bzw. Knochenmineralisierung und 44809 Einzelnukleotidpolymorphismen der porcinen Autosomen (Rothammer et al., 2014).



Abb. 9: Zuchtsau Wildschwein x Duroc (Schweinehüttenbereich Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz

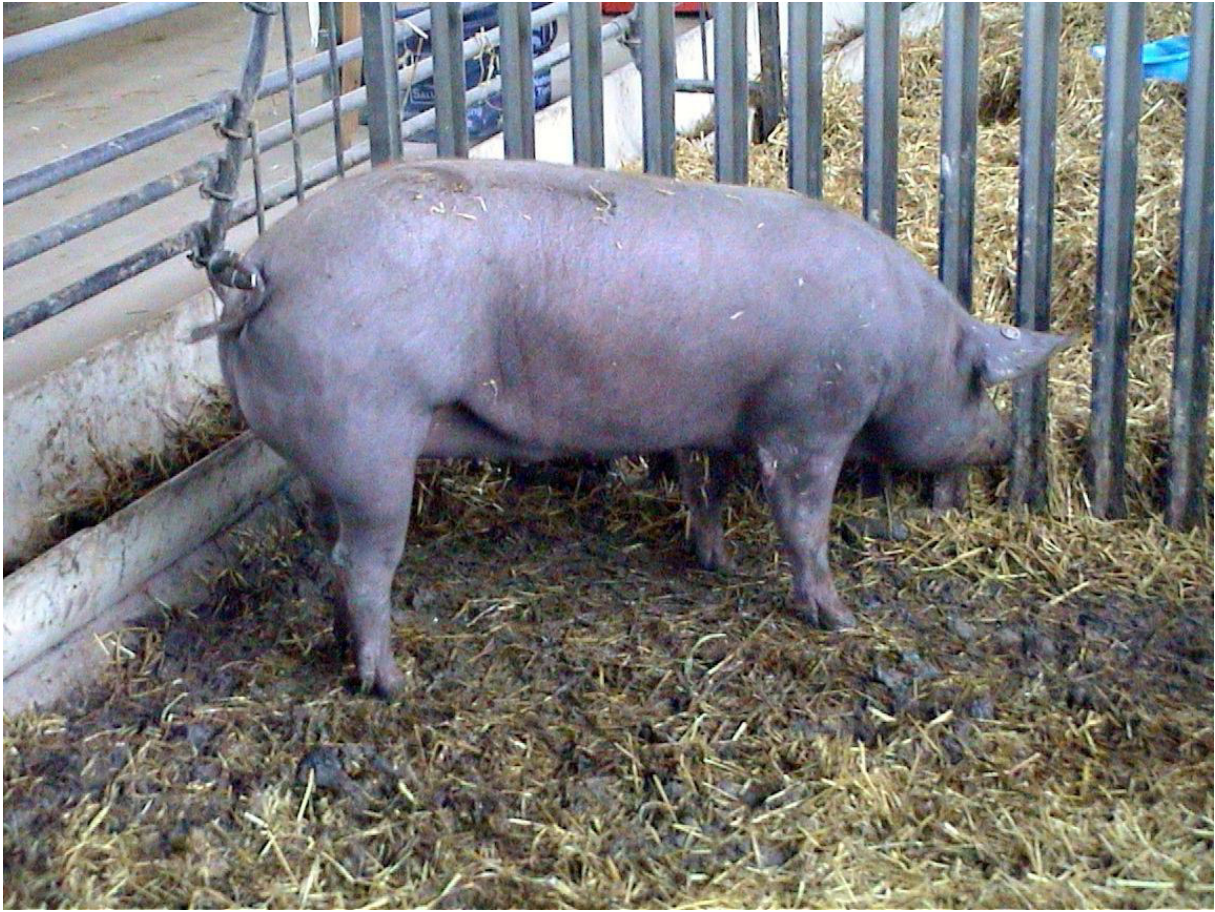


Abb. 10: Zuchtsau Pietrain x Cerdo Iberico (Mehrzweckstall 2, Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz



Abb. 11: Wildschwein_Duroc x Large Black Anpaarung (freies Abferkel-system Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz



Abb. 12: Wurf aus Duroc x Cerdo Iberico -Anpaarung (freies Abferkel-system - Lehr- und Versuchsgut) © A.M. Scholz

Bei den Kreuzungstieren handelte es sich um folgende Muttergenotypen:

- DL-DE
- Du-LB
- Du-SH
- DuSH-SH

- LB-PiDuPiHa
- LB-SH
- LB-WSDu
- LB_PiDuPiHa-DuLB
- Pi-DLDE
- Pi-Du
- Pi-Ha
- Pi-Ib
- Pi-LB
- Pi-SH
- Pi-WSDu_LB
- PiDu-PiHa
- WS-Du
- WSDu-LB
- WSDu-Ib
- PiIb-PiIb

Bei den Kreuzungsgenotypen wurde die Rasse bzw. der Kreuzungsgenotyp der Vätertiere zuerst genannt. Insgesamt wurden 28 verschiedene Rasse- bzw. Genotypschlüssel untersucht.

Ebenso ist für jedes Mutterschwein der Genotyp in Bezug auf Maligne Hyperthermie vermerkt worden. Dabei stehen die Abkürzungen NN für homozygot stressstabil, NP für variable Stressreaktion (heterozygot) und PP für homozygot stressanfällig (Scholz et al., 1995). Ferner wurden für

die Muttertiere die Abstammungsnummer, das Geburtsdatum sowie die Daten der Elterntiere (Genotyp für die Stressanfälligkeit und Rasse, Name bzw. Nummer) vermerkt. Im Falle eines Abgangs des Tieres, wurden das Datum, der Abgangsgrund und der Abnehmer registriert.

Die Bestandgröße für die Sauen im Betrieb belief sich im Durchschnitt auf 100 bis 120 Tiere, die in sieben Gruppen gehalten wurden, davon waren rotierend im Dreiwochen-Produktionsrhythmus jeweils zwei Gruppen im Abferkelstall, zwei Gruppen im Deckzentrum und drei Gruppen im Wartestall untergebracht.

3.1.2. Vatertiere (Vatergenotyp)

Die Vatertiere stammen größtenteils vom Lehr-und Versuchsgut Oberschleißheim. Die dort stationierten Eber wurden im Natursprung eingesetzt. Außerdem erfolgte eine Anpaarung mit einem Wildschweinkeiler im Tierpark Hellabrunn München. Ebenso wurde das Sperma von Ebern im Rahmen der üblichen künstliche Besamung verwendet. Das Sperma stammte von den Besamungsstationen Bergheim, Abstetterhof und GfS Ascheberg. Insgesamt wurden in der Fruchtbarkeitsanalyse 626 Vatertiere untersucht. Diese wurden in den Daten mit Name, Herdbuchnummer und dem Genotyp in Bezug auf Maligne Hyperthermie und Rasse vermerkt. Es wurden 20 verschiedene Rasse- bzw. Kreuzungsgenotypen untersucht. Diese bezogen sich immer auf die Rassekombination des Vatertieres, dessen Einsatz zum positiven Trächtigkeitsergebnis geführt hat. Die reinrassigen Vaterlinien waren:

- Deutsches Edelschwein (DE)
- Deutsche Landrasse (DL)
- Duroc (Du)
- Hampshire (Ha)
- Cerdo Iberico (Ib)
- Large Black (LB)
- Pietrain (Pi)
- Schwäbisch-Hällisches Schwein (SH)
- Wildschwein (WS)

Bei den Kreuzungsebern handelte es sich um folgende Vatergenotypen:

- Du-LB
- Du-Pi
- Du-SH
- DuSH-SH
- LB-PiDuPiHa
- DuLB- PiSH
- Pi-Du
- Pi-Ib
- Pi-LB
- Pi-WSDu_LB
- WS-Du

Bei den Kreuzungen wurde die Rasse bzw. Rassekombination der Vätertiere jeweils zuerst genannt. Der Kreuzungstyp DuLB-PiSH wurde nur zur Begattung von Jungsauen verwendet.

3.1.3. Haltungsort der Versuchstiere

3.1.3.1. Stallgebäude

Die Stallgebäude für die Schweinhaltung am LVG setzten sich aus mehreren Abteilungen mit unterschiedlichen Aufstallungsformen zusammen. Diese bestanden aus einem Abferkelstall mit Abferkelbuchten einschließlich Ferkelschutzkorb und beheizbarem Ferkelnest, dem Deckzentrum, dem Ferkelaufzuchtstall, einem Außenklimastall mit Tiefeinstreu und Teilspaltenboden, zwei Mehrzweckställen, Schweinehütten und dem sogenannten Alten Schweinestall, welcher Abferkelbuchten, Aufzuchtboxen, Flatdeckstall und Plätze für die Gruppenhaltung als Aufstallungsform bot. Im Jahr 2012 befanden sich am LVG Stallplätze für insgesamt fünf Eber, 320 Zucht- und Jungsauen, 242 wachsende Tiere, 170 Läufer sowie 448 Ferkel.



Abb. 13: Abferkelbucht im Abferkelstall. Zuchtsau mit 12,5 % Wildschweingenanteilen inklusive Saugferkeln aus Anpaarung mit Pietrain.



Abb. 14: Abferkelbucht im Abferkelstall. Zuchtsau (Muttersauenlinie) mit Saugferkeln.



Abb. 15: Deckzentrum. Zucht- und zuchtreife Jungsauen, die zur Besamung eingestallt sind. Zuchteber in der hinteren Box.



Abb. 16: Wartesauen im Außenklimastall (von links: Large Black, Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse) © A.M. Scholz.

3.1.3.2. Tierbestand

Die nachfolgenden Zahlen beziehen sich auf den Tierbestand am LVG mit Stand vom 31.12.12. Es waren fünf Eber eingestallt, davon vier Kreuzungstiere und ein Tier der Rasse Large Black. Bei den zwei Jungebern handelte es sich ebenfalls um Kreuzungen. Es wurden 105 Zuchtsauen gehalten: vier der Rasse Duroc, sieben Deutsche Edelschweine, 44 Tiere der Deutschen Landrasse, 40 Kreuzungstiere, ein Schwäbisch-Hällisches Schwein, fünf Large Black Sauen und vier Pietrain- Schweine. Bei den Jungsaunen handelte es sich um fünf Duroc-Schweine, sechs Deutsche Landrasse Sauen, zehn Kreuzungstiere sowie je zwei Tiere der Rasse Schwäbisch-Hällisches Schwein und Large Black.

3.2. Versuchsmethodik

Um die für die Fruchtbarkeitsanalyse notwendigen Daten zu ermitteln, wurde nach einem bestimmten Fruchtbarkeitsmanagement vorgegangen, bei dem der Ablauf der einzelnen Schritte der Schweinereproduktion genau festgelegt wurde.

3.2.1. Fruchtbarkeitsmanagement

Grundsätzlich wurden die Sauen im 3-Wochen-Rhythmus mit 28 Tagen Säugezeit gehalten. Einige Sauen der Extensivrasen bzw. deren Kreuzungsprodukte wurden teilweise einem modifizierten Fruchtbarkeitsmanagement mit einer verlängerten Säugezeit und der Unterbringung in freien Abferkelbuchten unterzogen (siehe Abbildungen 11 und 12). Die routinemäßigen Impfungen (gegen Parvovirose, Rotlauf, Rhinitis atrophicans und

Pneumonierreger) sowie die therapeutischen Injektionen wurden durch den Tierarzt/Tierärztin durchgeführt. Alle weiteren Medikationsarten sowie die Umstellungen erfolgten durch den Herdenmanager.

Altsauen

Nach dem Absetzen der Ferkel an Tag 0 (Donnerstag) erhielten die Muttertiere eine Injektion mit 20mg/ kg KGW Oxytetracyclin i.m. Von Tag 1 bis Tag 5 (Freitag bis Dienstag) erfolgte eine weitere orale Antibiose mit Chlortetracyclin-HCL 25% 60g /Tier/Tag. Ebenso an Tag 1, 24 Stunden nach dem Absetzen, erhielten zur Brunststimulation die primiparen Sauen 37,5µg Peforelin und die pluriparen Tiere 150µg Peforelin i.m.. An Tag 4 (Montag) erhielten alle Altsauen eine Injektion mit 50µg Gonadorelin i.m.

Eingliederung der Jungsauen

Zum Zwecke der Eingliederung der Jungsauen in die Herde erfolgte eine hormonelle Behandlung zur Brunstsynchronisierung der zuchtreifen Tiere. Die Medikation mit Altrenogest diente zunächst zur Zyklusblockade. Sieben Tage vor Behandlung wurden die Tiere um- bzw. eingestallt. Die Einstellung in die Gruppenbuchten für Jungsauen begann sonntags, 31 Tage vor der geplanten KB am Dienstag. Die Sauen erhielten erstmalig sonntags eine Medikation von 20mg/ Tier/ Tag p.o. Die Behandlung erfolgte über 18 Tage (bis Mittwoch). Freitags wurde nach Ende der Zyklusblockade 150µg Peforelin i.m. injiziert. Am Montag erhielten die Tiere eine weitere Injektion von 50µg Gonadorelin i.m..

Besamung

Die Besamung der Tiere erfolgte am Montagmittag bzw. Dienstag ab 7Uhr und ab 17Uhr. Der 1. Versuch der KB wurde ohne Zusätze zum Sperma durchgeführt. Allein für umrauschende Sauen versetzte man das Spermatube mit 1ml Prostaglandin-2-alpha. Dies bewirkt eine Kontraktion des Myometriums und führt somit zur verbesserten Aufnahme der Spermien. Kam es erneut zum Umrauschen, wurde der Sau Blut abgenommen und eine Serumprobe zur Untersuchung eingeschickt. Man testete auf eine eventuelle Infektion mit PCV-2, PRRSV, Influenza-A-Virus, Leptospiren (pathogene Serovare) und Chlamydien, um diese als Ursache für den negativen Trächtigkeitserfolg auszuschließen. Falls möglich wurde anstatt der künstlichen Besamung der Natursprung vollzogen. Beim 3. Umrauschen zog man die Merzung des Tieres in Erwägung. Bei einer Schlachtung wurden Uterus und Ovarien einer pathologischen Untersuchung zugeführt.

Trächtigkeitsuntersuchung

Jedes Muttertier wurde zwischen dem 25. und 28. Trächtigkeitstag einer Untersuchung mittels Ultraschall durch den Tierarzt oder den Herdenmanager unterzogen. Eine Nachuntersuchung erfolgte an Tag 42 in der Gruppe.

Abferkelung

Bei einer physiologischen Abferkelung wurden die Sauen bis 12h p.p. intrauterin mit 200-300ml einer 2%igen Policresulen-Lösung gespült. Zu-

sätzlich erhielten sie 24-36h p.p. eine Injektion von 10mg Prostaglandin-2-alpha i.m.

Traten bei der Abferkelung Probleme auf, wie z.B. Wehenschwäche, Geburtshilfe, manuelle Exploration der Geburtswege, Ausfluss, Mastitis, Agalaktie und bzw. oder eine Temperatur von über 39,5 °C 12h nach Abferkelung wurde nach folgendem Schema behandelt:

24-36 h p.p. wurden 10 mg Prostaglandin-2-alpha i.m. injiziert. Bei Bedarf wurde der Uterus mit 200- 300ml einer 2%igen Policresulen-Lösung gespült. Außerdem erhielten die Tiere über mindestens vier Tage eine antibiotische Therapie mit 25mg/ kg KGW/ Tag Trimethoprim-Sulfadoxin i.m.. Nach Bedarf wurde zusätzlich zur Fiebersenkung, Schmerzlinderung und Entzündungshemmung einmalig 0,4mg/kg KGW Meloxicam i.m. sowie zur Kontraktionsstimulation der Gebärmuttermuskulatur und damit Austreibung von diversen Ausflüssen und Nachgeburtsresten einmalig 35-70µg/Tier Carbetocin i.m. verabreicht. Bei anhaltendem Fieber oder einer Verschlechterung des Zustandes wurde ein Therapiewechsel auf Oxytetracyclin (20mg/ kg KGW i.m., 2 Injektionen im Abstand von 72h) vollzogen. Bei gleichbleibend hoher Körperinnentemperatur wurde zusätzlich 15-50mg/ kg KGW Metamizol alle 8h zur Fiebersenkung verabreicht. Grundsätzlich wurden den Tieren nach Geburtshilfe bzw. manueller Exploration der Geburtswege nach Abgang der Nachgeburt antibiotische Stäbe intrauterin eingelegt. Bei Würfen mit totgeborenen und/ oder mumifizierten Ferkeln wurde mindestens ein totes Ferkel zur Untersuchung auf Chlamydien-,Leptospiren-, PCV-2-, PPV-, und PRRSV- Antigen eingeschickt.

Ferkel

Bei Durchfall wurde der gesamte Wurf innerhalb der ersten Lebenstage oral mit 5mg/ kg KGW/ Tag Colistinsulfat oder systemisch je nach Resistenzlage einmalig mit 5mg/kg KGW Gentamicin i.m. behandelt. Des Weiteren wurden die Tiere in bestimmten Krankheitsfällen mit 15mg/kg KGW Amoxicillin i.m. behandelt.

3.2.2. Umstellungsprinzip

Die Wartesauen (tragenden Sauen) wurden spätestens fünf Tage vor dem Sollferkeltermin in den Abferkelstall umgestallt. Am Absetztag erfolgte die Umstallung ins Deckzentrum. Nach erfolgreicher Belegung wurden die Tiere ab dem 28. Trächtigkeitstag in Gruppen gehalten und entweder in den Außenklimastall oder in Ausnahmefällen in die Sauenhütten verlegt.

3.2.3. Ermittelte Daten

Ferkel

Für jeden Wurf wurde die Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), jeweils unterteilt in männliche und weibliche Tiere, ermittelt. Ebenso erfasste man die Zahl der aufgezogenen männlichen und weiblichen Ferkel. Es wurden die Daten zu den Ferkelverlusten mit den jeweiligen Ursachen festgehalten. Hier unterschied man zwischen: Grund unbekannt, erdrückt, totgeboren, verendet und euthanasiert.

Ebenso wurden die Daten zu aufgetretenen Anomalien erfasst. Dazu zählten die Tiere mit vorhandener Afterlosigkeit, Hoden- bzw. Leistenbruch,

Nabelbruch, Binneneber, Zwitter oder Grätschen. Außerdem vermerkte man die Anzahl der Tiere mit der Zitterkrankheit.

Würfe

Jeder Wurf wurde fortlaufend für jedes Muttertier durch eine Wurfnummer gekennzeichnet. Für jeden Wurf standen maximal drei Deckversuche zur Verfügung. Die Deckdaten wurden jeweils mit Datum und dem eingesetzten Vatertier vermerkt. Es wurde somit die Gesamtdeckanzahl ermittelt und ab dem zweiten Wurf auch die Zwischenwurfzeit.

3.2.4. Statistische Analyse der Daten

Die Berechnung der in der Fruchtbarkeitsanalyse ermittelten Daten erfolgte durch eine Mischmodellanalyse mittels REML durch das Statistik-Programm SAS 9.3. Die Signifikanzgrenze wurde bei $p \leq 0,05$ festgelegt.

Als fixe Effekte gingen folgende Parameter in die Berechnung ein:

- Muttergenotyp
- Wurfnummer
- Genotyp in Bezug auf die Stressanfälligkeit (MHS)
- Vatergenotyp
- Anzahl der Besamungen

Die zufälligen Effekte Sau (Sauennummer = EDV-Nummer + Tiernummer) sowie das Datum der erfolgreichen Belegung ergänzten das Mischmodell. Die Berechnung der Freiheitsgrade für den F-Test sowie den Vergleich der kleinsten Quadrate Mittelwerte (t-Test) erfolgte nach der Methodik

"Satterthwaite" (SAS/STAT(R) 9.3 User's Guide, SAS Institute Inc., SAS Campus Drive, Cary, North Carolina 27513, USA)

Es wurden folgende Merkmale analysiert:

- Anzahl lebend geborener Ferkel
- Anzahl aufgezogener Ferkel
- Anzahl aufgezogener Ferkel männlich
- Anzahl aufgezogener Ferkel weiblich
- Ferkelverluste
- Erdrückte Ferkel
- Zwischenwurfzeit
- Trächtigkeitsdauer
- Absetzalter
- Erstbelegungsalter

Die Ergebnisse für die Merkmale Absetzalter und Erstbelegungsalter werden separat allein im Anhang aufgeführt, da diese Merkmale hauptsächlich durch das Management beeinflusst werden.

4. Ergebnisse

Die Ergebnisse der Mischmodellanalyse werden im folgenden Abschnitt erläutert. Die grafischen Darstellungen zeigen jeweils die kleinsten Quadrate Mittelwerte (LSM) der einzelnen Parameter und deren Standard-schätzfehler (SEE). Die dazugehörigen Tabellen befinden sich im Anhang.

4.1. Zwischenwurfzeit

Die Zwischenwurfzeit (ZWZ) konnte ab Wurfnummer 2 ermittelt werden. Sie beträgt im arithmetischen Mittel 157 Tage, bei 102 Würfen ist die ZWZ über 200 Tage. Das sind meist die Tiere, bei denen die Belegung erst im 3. Versuch erfolgreich war. Es liegen bei 14 Würfen sehr große Zeitabstände zwischen den einzelnen Besamungsterminen (mehr als zwei Monate), welche die Zwischentragezeit automatisch vergrößern. Eine Wiederholung der Besamung führte automatisch zur Verlängerung des Zeitabstandes zwischen den Würfen.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Der Genotyp der Muttertiere nimmt signifikant Einfluss auf die Zwischenwurfzeit ($p = 0,0001$). Es konnte die Abhängigkeit bei 27 verschiedenen Rassen bzw. Kreuzungen untersucht werden. Bei der Kreuzungskombinationen WSDu-Ib konnte keine ZWZ berechnet werden, da bei den vertretenen Muttertieren bisher nur Daten zur Wurfnummer 1 vorliegen. Die folgende Abbildung stellt die ermittelten Ergebnisse grafisch dar.

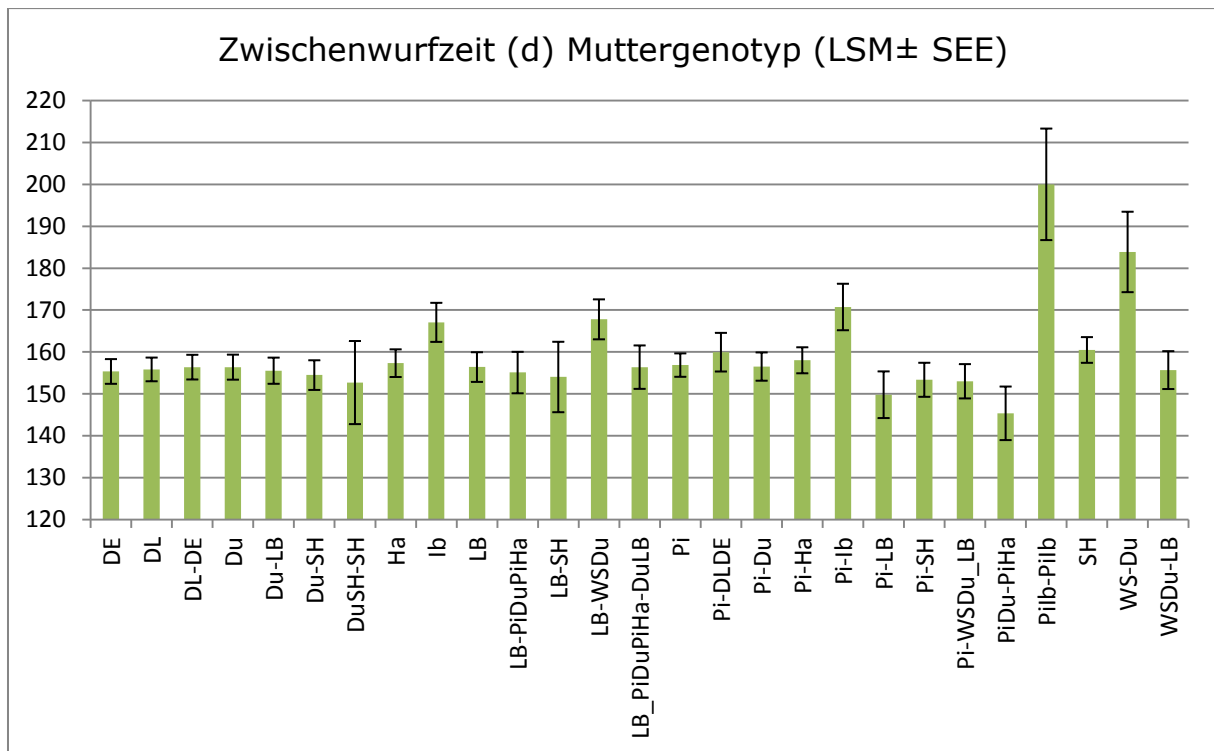


Abb. 17 : Zwischenwurfzeiten (ZWZ, in Tagen) verschiedener Muttergenotypen.

Die Rassekombination Pietrain-Cerdo Iberico x Pietrain-Cerdo Iberico (PiIb-PiIb) weist mit durchschnittlich 200,02 Tagen die größte ZWZ auf; auffällig ist hier auch der hohe Standardschätzfehler von 13,31. Die Kreuzung zwischen Wildschwein und Duroc (WS-Du) hat ebenso einen großen Zeitabstand zwischen den einzelnen Würfen und einen, im Vergleich zu den anderen Genotypen, hohen SEE. Die kürzeste ZWZ brachte die Kreuzungskombination Pietrain-Duroc x Pietrain-Hampshire (PiDu-PiHa) mit 145,36 Tagen hervor (aber nicht signifikant verschieden zum Großteil der

weiteren Genotypen). Dennoch sind rassespezifische Unterschiede zu erkennen.

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Eine Abhängigkeit der Zwischenwurfzeit von der Wurfnummer ist mit $p = 0,7187$ nicht zu erwarten.

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Ein signifikanter Einfluss des MHS-Genotyps auf die Zwischenwurfzeit konnte mit $p = 0,0832$ nicht nachgewiesen werden.

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Die Zwischenwurfzeit ist signifikant abhängig von Eber- bzw. Vatergenotyp ($p < 0,0001$). Die ermittelten Werte der einzelnen Rassen und Kreuzungskombinationen sind in der folgenden Grafik dargestellt.

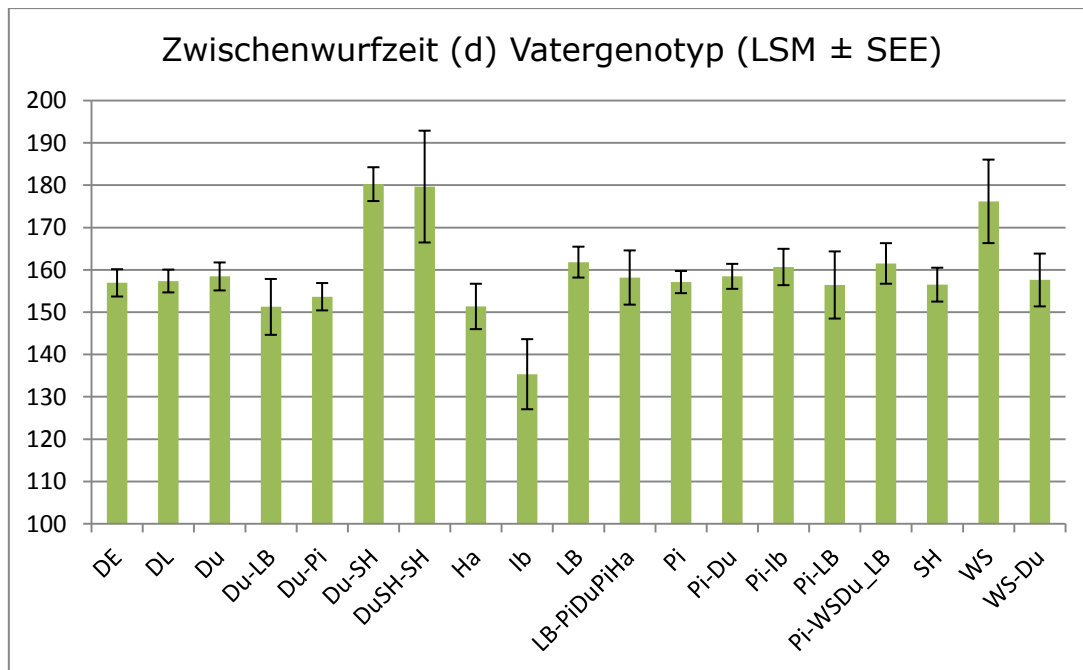


Abb. 18: Zwischenwurfzeiten (ZWZ, in Tagen) verschiedener Vatergenotypen

Wie schon im Material- und Methodenteil erwähnt, konnte für den Vatergenotyp DuLB-PiSH keine ZWZ ermittelt werden, da mit dieser Kreuzungskombination nur die Jungsauen belegt wurden. Die Vater-Rassekombinationen Duroc x Schwäbisch Hällisches Schwein (Du-SH) und Duroc-Schwäbisch Hällisches Schwein x Schwäbisch Hällisches Schwein (DuSH-SH) und Wildschwein weisen die größten Zwischenwurfzeiten auf. Bei der Rasse Cerdo Iberico (Ib) wurden die geringsten Abstände zwischen den Würfen ermittelt.

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Zwischenwurfzeit ist erwartungsgemäß mit $p < 0,001$ signifikant abhängig von der Anzahl der Deckakte bzw. Besamungen. Je mehr Besamungsversuche benötigt wurden, umso mehr vergrößerte sich die Zeitspanne zwischen den Würfen.

Generell ist nochmals darauf hinzuweisen, dass die geschätzten Effekte auf die Zwischenwurfzeiten durch das Besamungsmanagement beeinflusst wurden und damit zu verzerrten LSM bei einzelnen Genotypen mit einer niedrigen Anzahl Beobachtungen (z.B. WS, DuSH-SH, Ib) führte.

4.2. Anzahl lebend geborener Ferkel

Die Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF) berücksichtigt alle zum Zeitpunkt der Geburt lebenden Jungtiere. Im arithmetischen Mittel wurden bei allen untersuchten Würfen 9,7 Ferkel lebend zur Welt gebracht. Die meisten lebend geborenen Ferkel sind bei einer Deutschen Landrasse Sau mit 21 LGF im 2. Wurf zu verzeichnen. Dieser Wurf stammte aus einer Anpaarung mit einem Deutschen Landrasse Eber. Am häufigsten kamen 10 LGF zur Welt.

Die folgende Tabelle (Tab. 2) gibt die Verteilung der untersuchten Würfe auf die Anzahl der LGF wieder.

Tab. 2 Verteilung der Gesamtwürfe (n=2932) auf die jeweilige Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF)

LGF	Anzahl der jeweiligen Würfe
1	7
2	20
3	45
4	57
5	85
6	160
7	229
8	302
9	391
10	470
11	413
12	313
13	212
14	124
15	63
16	25
17	9
18	4

19	1
20	1
21	1

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Die Anzahl lebend geborener Ferkel ist signifikant abhängig vom Genotyp des Muttertieres ($p < 0,0001$). Die folgende Abbildung stellt dies grafisch dar.

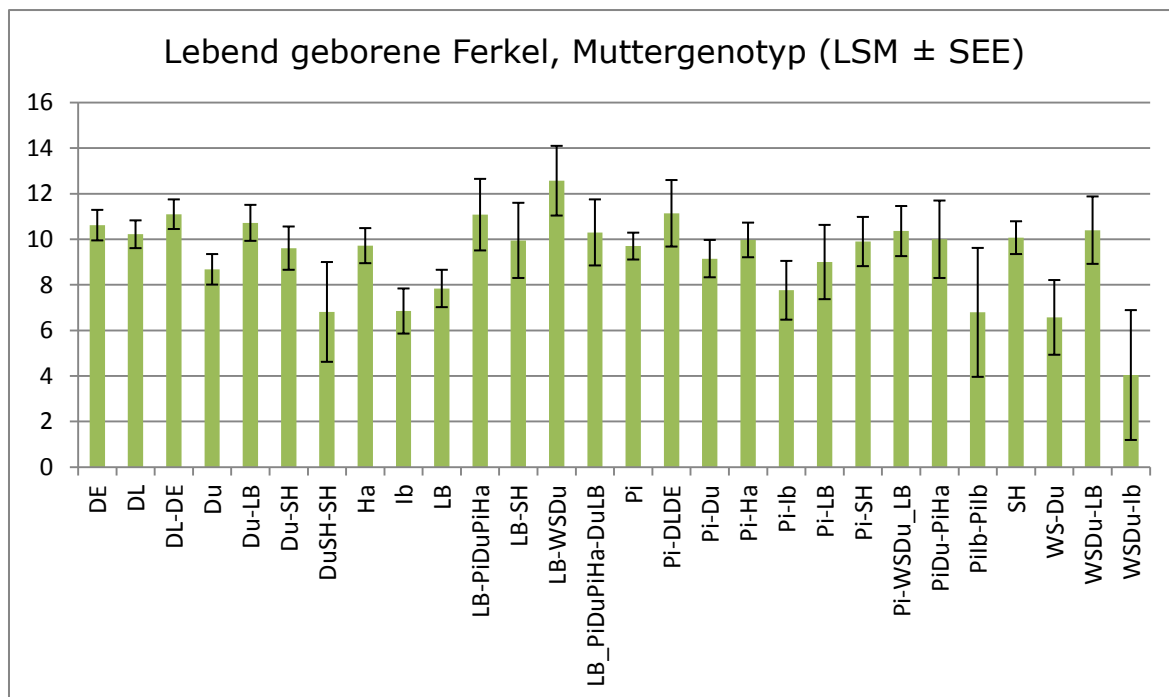


Abb. 19: Anzahl lebend geborener Ferkel je Wurf (LGF) verschiedener Muttergenotypen

Die meisten LGF bringt die Kreuzungskombination Large Black x Wildschwein-Duroc (LB-WSDu) mit 12,57 Tieren zur Welt und liegt damit deutlich über dem arithmetischen Mittelwert. Die kleinste Zahl LGF ist bei der Kreuzung WSDu-Ib mit 4,04 Ferkeln zu verzeichnen. Ebenso hat die Rasse Cerdo Iberico und die Kreuzungskombinationen WSDu, DuSH-SH und PiIb-PiIb im Mittel nicht mehr als 7 Ferkel. Außerdem fällt bei diesen Genotypen ein sehr hoher Standardschätzfehler auf. Alle anderen Rassekombinationen zeigen nur in Ausnahmen einen signifikanten Unterschied zueinander (Anhang Tabelle 7).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Zahl der lebend geborenen Ferkel ist signifikant ($p < 0,0001$) abhängig von der Wurfnummer.

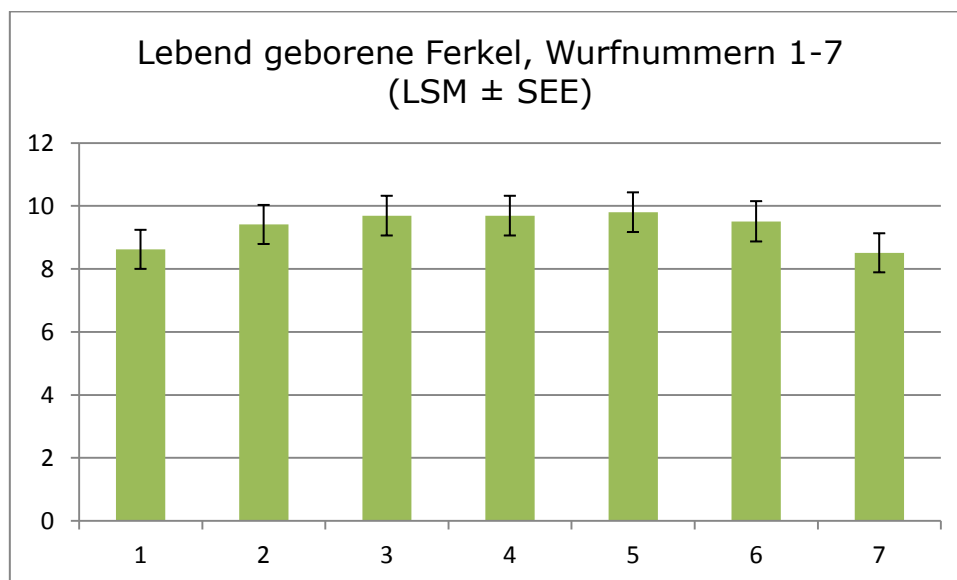


Abb. 20: Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF) von verschiedenen Wurfnummern

Die Anzahl der lebend geborenen Ferkel (LGF) steigt erwartungsgemäß nach dem 1. Wurf an und erreicht ihr Maximum bei Wurfnummer 5, welche allerdings keine signifikanten Unterschiede zu Wurfnummer 3, 4 und 6 aufweist. Die LGF bei Wurfnummer 3 und 4 sind gleich. Sie sind außerdem nicht signifikant verschieden zu Wurfnummer 2 und 6. Nach der 5. Abferkelung sinkt die Zahl der zu erwartenden LGF wieder. Man kann davon ausgehen, dass ab dem 6. Wurf das Muttertier weniger Ferkel zur Welt bringt. Wurfnummer 7 und 1 unterscheiden sich nicht signifikant. Die Standardschätzfehler weichen bei allen Wurfnummern nur sehr gering voneinander ab, da für alle Wurfnummern eine ausreichend hohe Anzahl Beobachtungen vorliegt.

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Der MHS-Genotyp zeigte keinen signifikanten Einfluss auf die Zahl der LGF ($p = 0,89$).

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Die Zahl der LGF wird signifikant vom Vatergenotyp beeinflusst ($p = 0,0299$). Bei der Rasse Hampshire (Ha) als Vatertier ist die geringste Anzahl von lebenden Ferkeln bei der Geburt zu erwarten. Die meisten Ferkel weist die Kreuzungskombination Duroc x Large Black (Du-LB) mit 12,49 Tieren auf. Diese Eber heben sich auch signifikant zum Großteil von den anderen Vatergenotypen ab. Aufgrund der großen Variation sind die meisten Rasse- und Kreuzungskombinationen der Eber nicht signifikant verschieden voneinander (Anhang Tabelle 8).

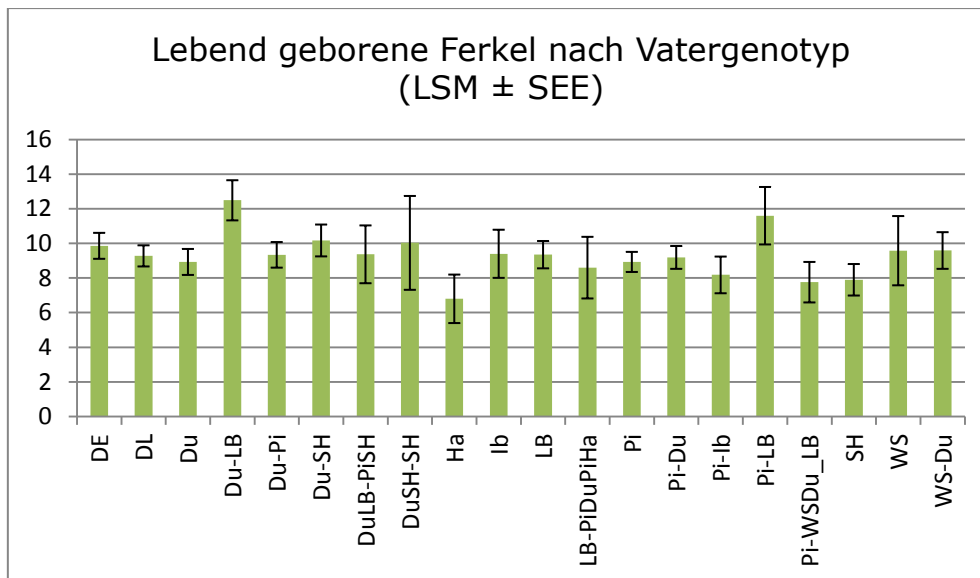


Abb. 21: Lebend geborene Ferkel (LGF) verschiedener Vatergenotypen

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Ein signifikanter Einfluss der Anzahl der Besamungen auf die Zahl der LGF konnte mit $p = 0,7009$ nicht nachgewiesen werden.

4.3. Anzahl aufgezogener Ferkel

Die Zahl der aufgezogenen Ferkel (AUF) bezeichnet die Anzahl der Tiere, die von einem Wurf aufgezogen werden konnten und nicht während der Säugezeit verstorben sind. Im arithmetischen Mittel waren das bei allen Würfen 8,71 Ferkel. Bei sieben Würfen konnten gar keine Ferkel aufgezogen werden. Auffällig ist, dass bei drei von diesen sieben Würfen die Muttertiere Cerdo Iberico - Sauen waren, welche auch durch einen Cerdo Iberico- Eber (insgesamt zwei verschiedene Vatertiere) gedeckt wurden.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Die Anzahl der aufgezogenen Ferkel ist signifikant abhängig vom Muttergenotyp ($p < 0,0001$).

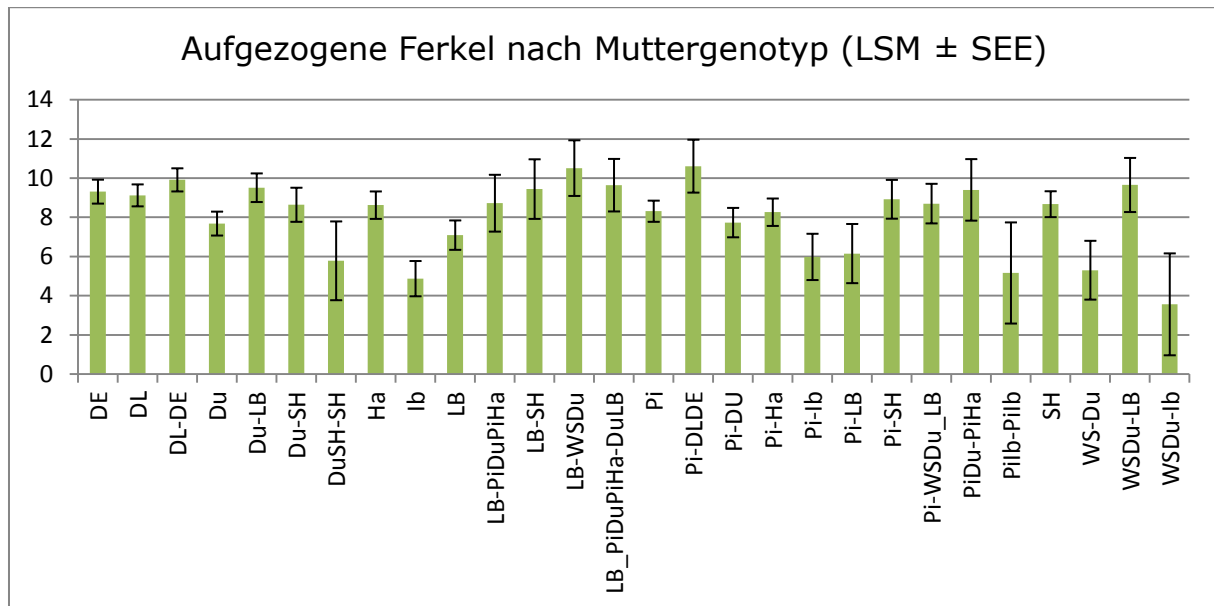


Abb. 22: Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF) verschiedener Muttergenotypen

Die Grafik zeigt, dass neben der Kreuzungskombination WSDu-Ib, die Rasse Ib sowie die Kreuzungskombinationen DuSH-SH, PiIb-PiIb und WS-DU nur eine geringe Zahl aufgezogener Ferkel erwarten lassen. Des Weiteren haben die Muttergenotypen DuSH-SH und PiIb-PiIb sehr hohe Standardschätzfehler, die auf die geringe Tierzahlen zurückzuführen sind. Die meisten aufgezogenen Jungtiere sind bei den mütterlichen Kreuzungskombinationen Pietrain x Deutsche Landrasse – Deutsches Edelschwein

(Pi-DLDE) und LB-WSDu zu verzeichnen. An dritter Stelle folgt die konventionelle Standard-F1-Kreuzungssau aus Deutscher Landrasse und Deutschem Edelschwein (Anhang Tabelle 10).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Wurfnummer eines Muttertieres beeinflusst signifikant die Zahl ihrer aufgezogenen Ferkel ($p < 0,0001$).

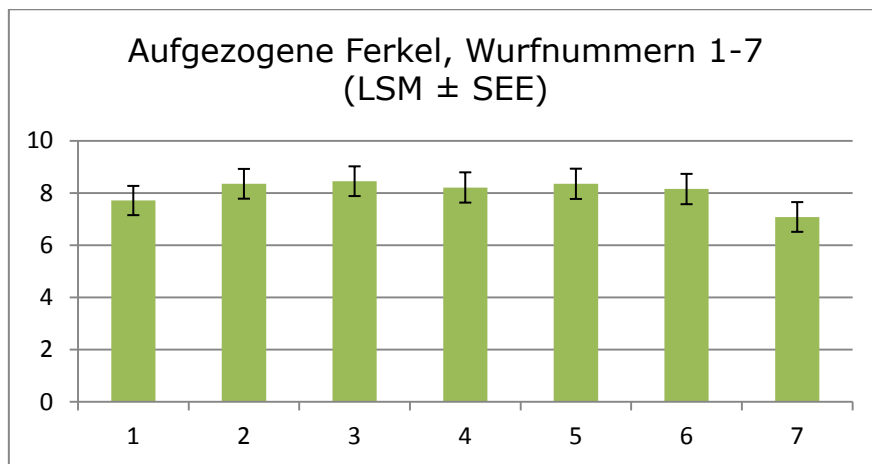


Abb. 23: Anzahl aufzogener Ferkel (AUF) verschiedener Wurfnummern

Es fällt auf, dass mit steigender Wurfnummer, auch die AUF minimal zunimmt und ihr Maximum bei Wurfnummer 3 mit 8,45 Ferkeln erreicht. Danach sinkt die Zahl der aufgezogenen Ferkel wieder leicht (auf 8,21 Tiere) und steigt bei Wurfnummer 5 um 0,14 Ferkel an. Nachkommend fällt die AUF mit steigender Geburtenanzahl erneut ab. Im Vergleich weisen die

Wurfnummern 2 – 6 jedoch keine signifikanten Unterschiede auf (Anhang Tabelle 12).

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Mit einem p - Wert von 0,7709 ist nicht zu erwarten, dass der MHS-Genotyp signifikant die AUF beeinflusst.

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Genotyp des Vatertieres nimmt signifikant Einfluss auf die AUF ($p < 0,0001$).

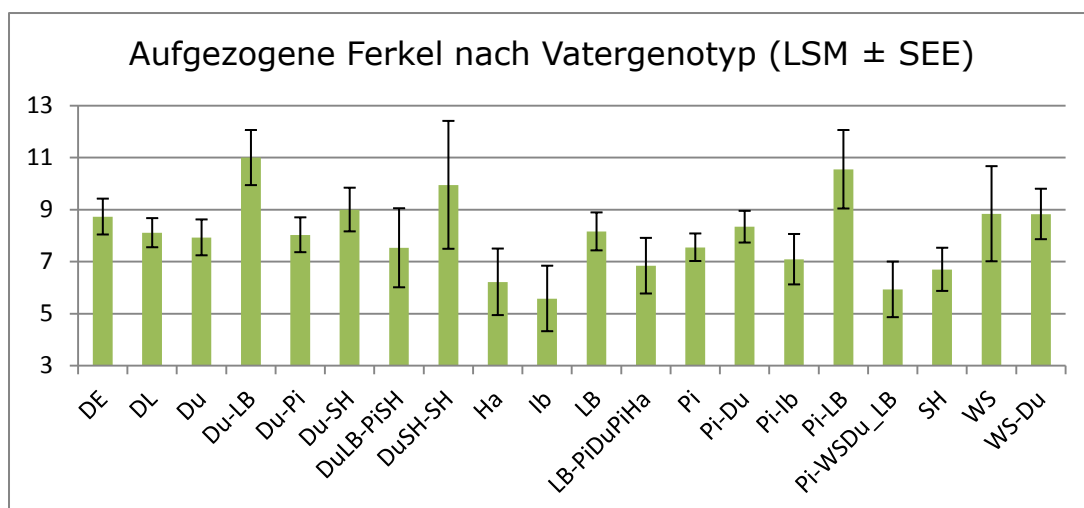


Abb. 24: Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF) verschiedener Vatergenotypen

Die geringste Anzahl aufgezogener Ferkel lassen sich bei der Anpaarung mit einem Ib-Vatertier erwarten. Desgleichen sind bei der Rasse Hampshi-

re und bei der Kreuzungskombination Pietrain x Wildschwein-Duroc_LargeBlack (Pi-WSDu_LB) nur eine geringe Zahl Tiere zu verzeichnen, die aufgezogen werden. Eine hohe AUF lassen die Kreuzungskombinationen mit Du-LB, DuSH-SH sowie Pi-LB erwarten. Alle anderen Rassekombinationen weisen keine signifikanten Unterschiede auf (Anhang Tabelle 11).

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Anzahl der Besamungen hat keinen signifikanten Einfluss auf die Zahl der aufgezogenen Ferkel ($p = 0,2403$).

Zwischen der Anzahl lebend geborener und aufgezogener Ferkel besteht erwartungsgemäß eine hohe Korrelation von $r = 0,86$.

4.4. Anzahl aufgezogener weiblicher Tiere

Im Durchschnitt wurden bei den untersuchten Würfen 5,38 weibliche Tiere geboren (diese Angabe bezieht sich sowohl auf die lebend als auch auf die tot geborenen Ferkel). Davon wurden im Mittel 4,40 Ferkel aufgezogen.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Die Anzahl der aufgezogenen weiblichen Tiere ist signifikant abhängig vom Genotyp des Muttertieres ($p = 0,0002$).

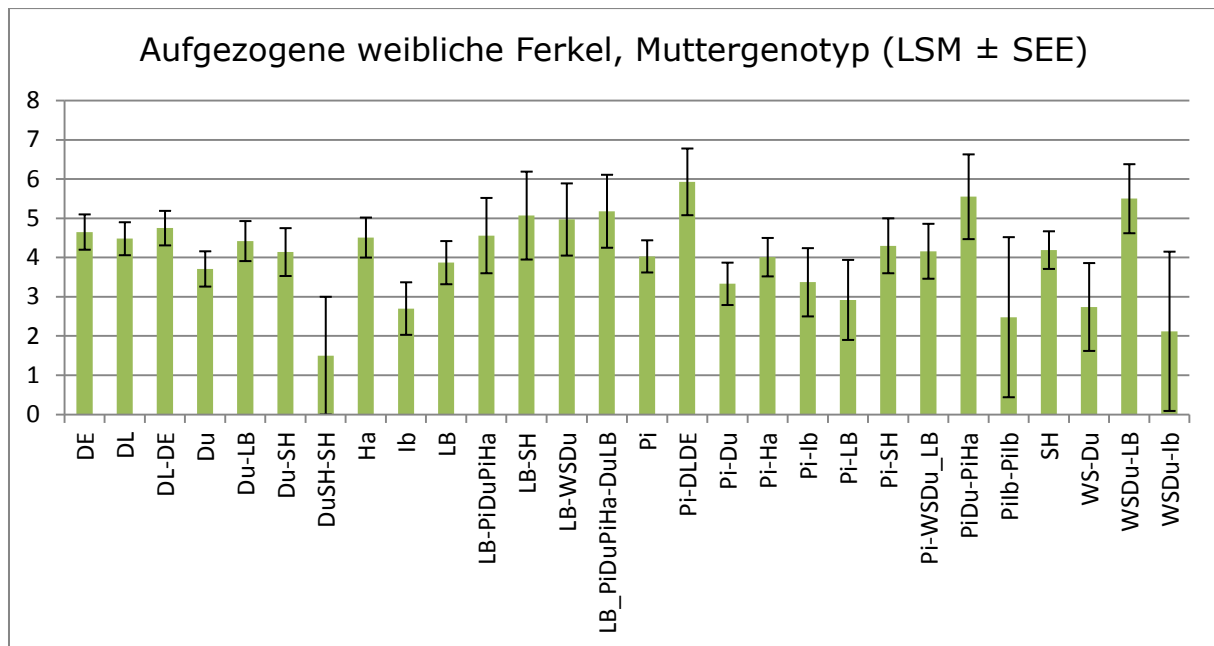


Abb. 25: Anzahl aufgezogener weiblicher Ferkel (AWF) abhängig vom Muttergenotyp

Die Cerdo-Iberico-Schweine sowie die Kreuzungskombinationen DuSH-SH, PiIb-PiIb, WSDu-Ib, Pi-LB und WS-Du lassen erwartungsgemäß - im Einklang mit der Gesamtzahl aufgezogener Ferkel - nur eine geringe Zahl aufgezogener weiblicher Tiere erwarten. Bei den Rassekombinationen Pi-DLDE, PiDu-PiHa und Wildschwein-Duroc x Large Black (WSDu-LB) ist die Zahl der weiblichen Ferkel, die abgesetzt werden können, am höchsten (Anhang Tabelle 13).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Wurfnummer nimmt ebenso signifikant Einfluss auf die Zahl der aufgezogenen weiblichen Tiere ($p < 0,0001$).

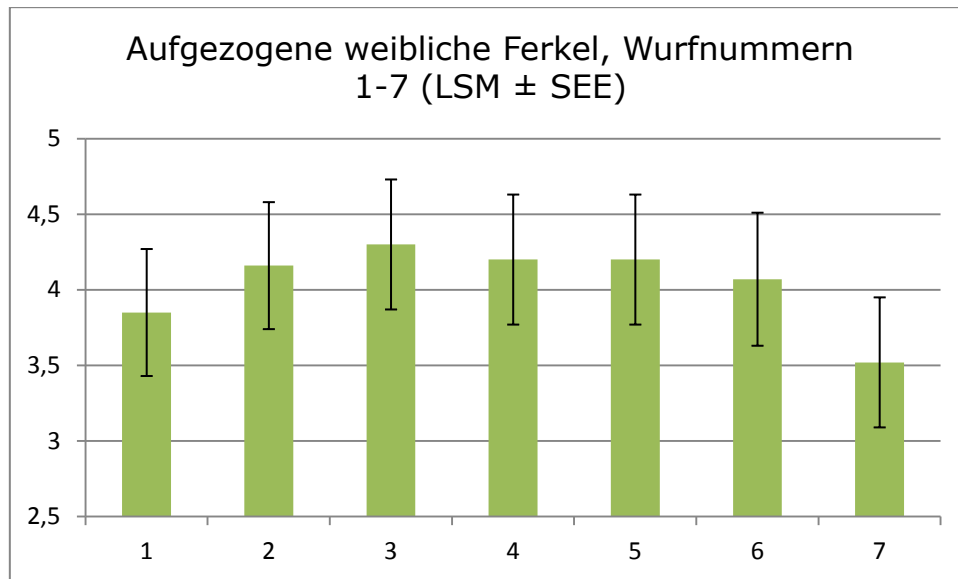


Abb. 26: Anzahl aufzogener weiblicher Ferkel (AWF) abhängig von der Wurfnummer

Die meisten AWF sind tendenziell im 3. Wurf eines Muttertieres zu erwarten (4,30 Tiere), die wenigsten weiblichen Ferkel können ab dem 7. Wurf aufgezogen werden (3,52 Tiere). Des Weiteren fällt auf, dass bei Wurfnummer 4 und 5 die AWF identisch ist. Die AWF ist zwischen den Wurfnummern 2 bis 6 jedoch nicht signifikant verschieden (Anhang Tabelle 14).

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Der MHS-Genotyp des Muttertieres nimmt keinen signifikanten Einfluss auf die AWF ($p = 0,8438$).

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Auch der Vatergenotyp hat mit $p = 0,0992$ keinen signifikanten Einfluss auf die aufgezogenen weiblichen Jungtiere.

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die AWF ist nicht signifikant abhängig von der Besamungsanzahl ($p = 0,5946$).

4.5. Anzahl aufzogener männlicher Tiere

Bei allen untersuchten Würfen, wurden im Mittel pro Wurf 5,06 männliche Tiere geboren. Von diesen Ferkeln gelangten durchschnittlich 4,3 männliche Tiere pro Wurf zur weiteren Aufzucht und damit 0,1 männliches Ferkel weniger als weibliche Ferkel.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Der Muttergenotyp nimmt signifikant Einfluss auf die AMF ($p < 0,0001$).

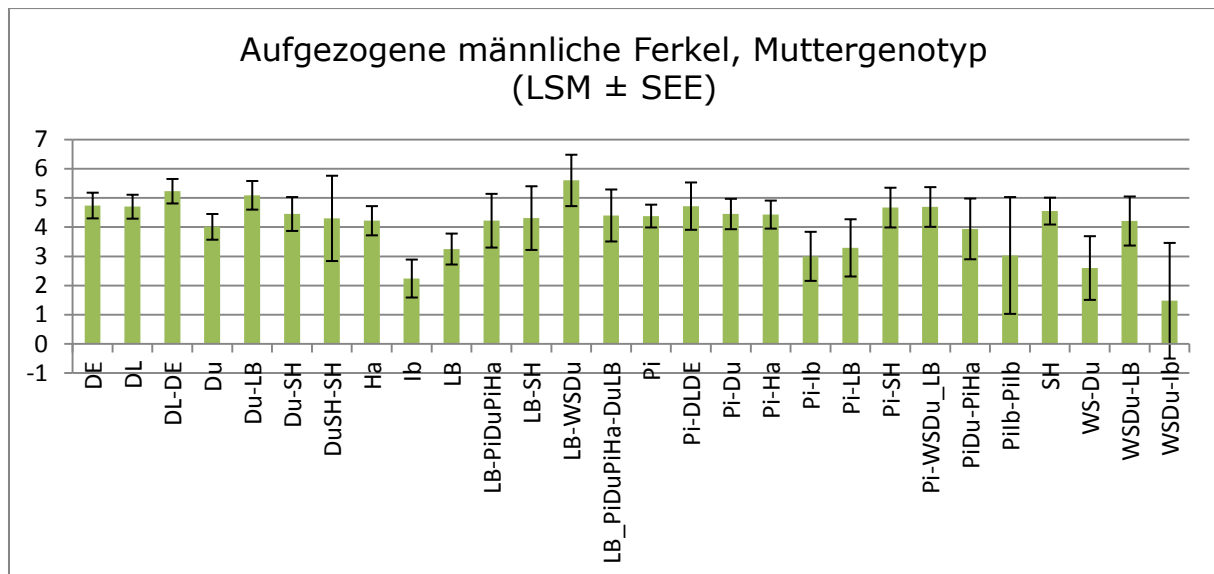


Abb. 27: Anzahl aufgezogener männlicher Ferkel (AMF) verschiedener Muttergenotypen.

Die wenigsten männlichen Tiere pro Wurf sind bei den Kreuzungskombinationen WSDu-Ib, Pi-Ib, PiIb-PiIb und WS-Du sowie der Rasse Ib zu erwarten. Beim Genotyp WSDu-Ib ist der Standardschätzfehler höher als der ermittelte kleinste-Quadrate-Mittelwert. Die meisten männlichen Ferkel kommen in den Würfen zur Welt, bei denen das Muttertier der Kreuzungskombination LB-WSDu entstammt (5,6 Tiere), allerdings ist dieses Ergebnis zum Großteil der anderen Genotypen nicht signifikant verschieden (Anhang Tabelle 15).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Wurfnummer nimmt ebenso Einfluss auf die AMF ($p < 0,0001$).

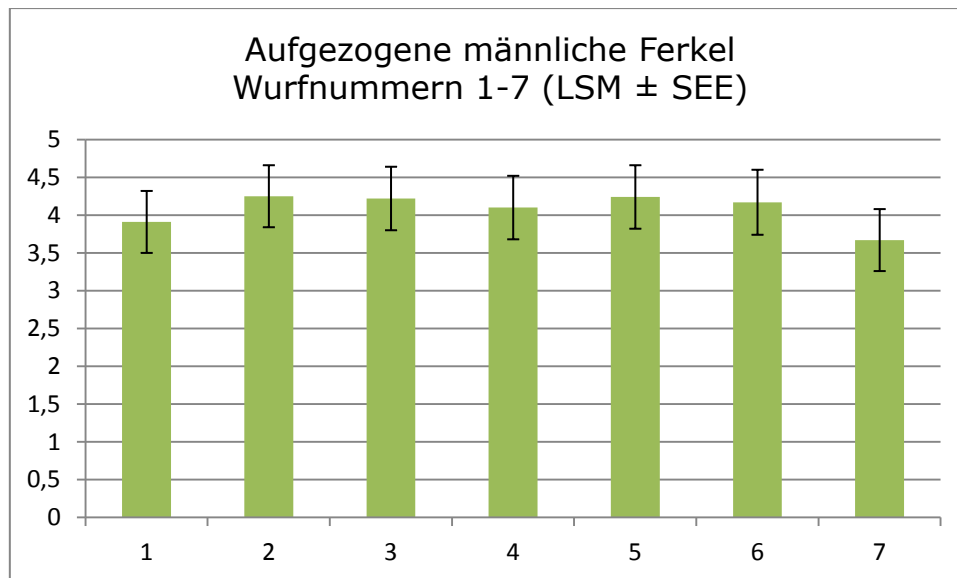


Abb. 28: Anzahl aufgezogener männlicher Ferkel (AMF) der Wurfnummern 1 – 7

Die wenigsten AMF sind ab Wurfnummer 7 mit 3,67 Tieren zu erwarten. Die meisten männlichen Ferkel können im 2. (4,25 Ferkel) und im 5. Wurf (4,24 Ferkel) aufgezogen werden. Die Wurfnummern 2 – 6 unterscheiden sich jedoch nicht signifikant.

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Die AMF ist nicht signifikant vom MHS-Genotyp des Muttertiers abhängig ($p = 0,7040$)

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Vatergenotyp nimmt signifikant Einfluss auf die AMF ($p = 0,0005$).

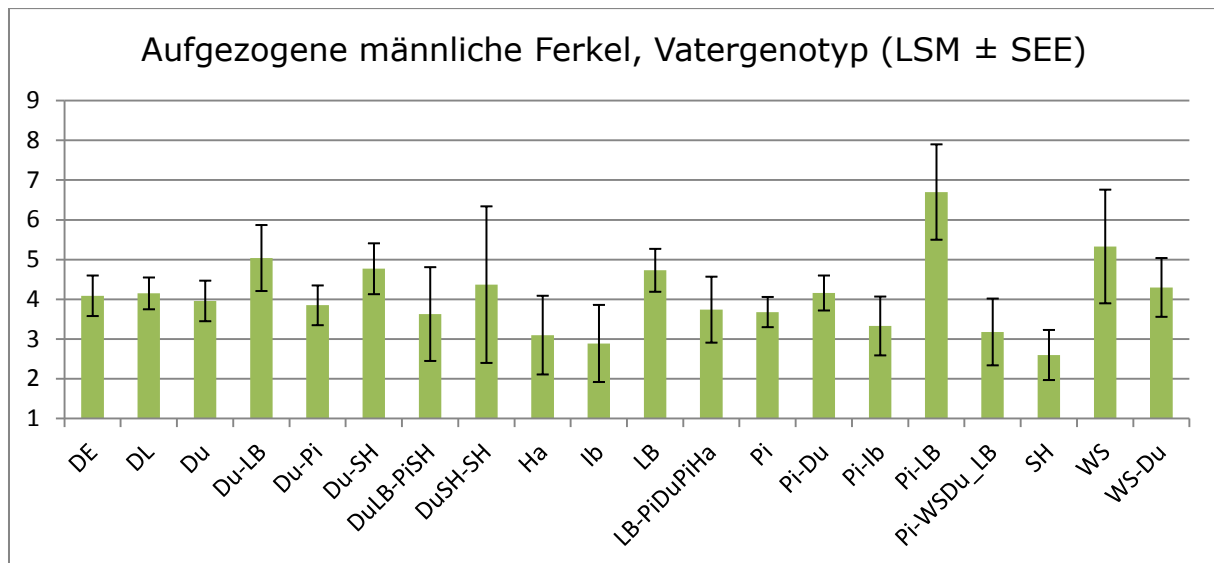


Abb. 29: Anzahl aufzogener männlicher Ferkel (AMF) verschiedener Vatergenotypen

Die geringste Anzahl aufzogener männlicher Ferkel ist bei den Rassen SH (2,60 Ferkel), Ib (2,89 Ferkel) und Ha (3,10 Ferkel) zu erwarten, wobei die Ib- und Ha-Eber keine signifikanten Unterschiede zu den anderen Genotypen aufweisen - mit Ausnahme der Kreuzungskombination Pi-LB. Bei diesem Genotyp sind die meisten männlichen Ferkel in der Aufzucht zu erwarten (6,70 Tiere; Anhang Tabelle 16).

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Anzahl der Besamungsversuche hat keinen signifikanten Einfluss auf die AMF ($p=0,3120$).

Zwischen der Anzahl aufgezogener männlicher und aufgezogener weiblicher Ferkel besteht eine niedrige negative Korrelation von $r = -0,13$ ($p < 0,001$).

4.6. Ferkel-Verluste und totgeborene Ferkel

Als Verlust-Tiere wurden diejenigen Ferkel gezählt, welche nicht das Absatzalter erreicht haben. Die untersuchten Ferkelverluste haben verschiedene Ursachen. Die folgende Tabelle gibt die Anzahl der jeweiligen Verlustursachen wieder.

Tab. 3 Übersicht der Ferkelverluste in Anzahl und Ursache

Ferkelverluste einschließlich totgeborene	5061
Totgeboren	2048
Erdrückt	1442
Euthanasiert	375
Verendet (ohne Erdrückte)	1196

In den insgesamt analysierten Würfen ($n=2932$) sind 3013 Ferkelverluste und 2048 totgeborene Ferkel zu verzeichnen. Die durchschnittliche Differenz zwischen insgesamt geborenen und abgesetzten Ferkeln beträgt 1,79 Ferkel, davon im Durchschnitt 0,69 totgeborene, 0,49 erdrückte, 0,48 verendet (nicht erdrückt), 0,13 euthanasiert. Insgesamt sind ausgehend von der Summe für die Anzahl lebend geborener Ferkel (28454) im Rahmen der Untersuchung bis zum Absetzen Ferkelverluste mit einer Rate von ca. 10,6 % aufgetreten.

Die Verlustursache „erdrückt“ wird im weiteren Verlauf noch genauer analysiert.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Der Muttergenotyp beeinflusst signifikant die Zahl der Ferkelverluste ($p = 0,0009$).

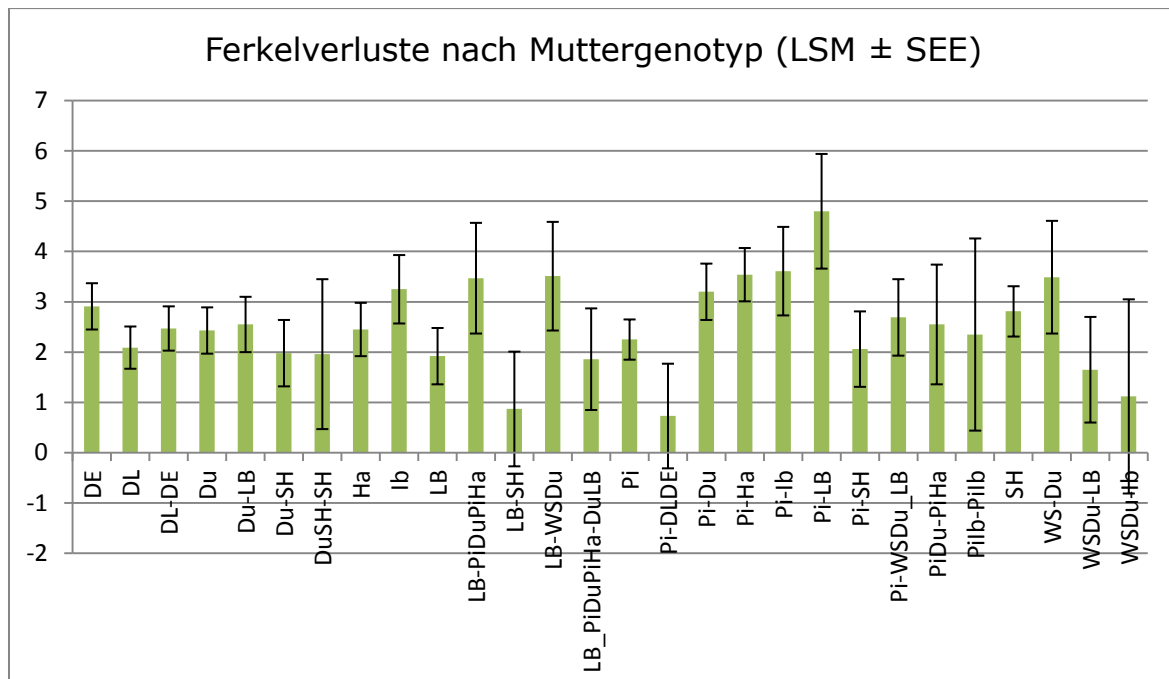


Abb. 30: Verluste (totgeborene + nichtabgesetzte Ferkel) bei verschiedenen Muttergenotypen

Die niedrigsten Verluste (einschließlich totgeborener Ferkel) wurden bei Muttertieren vom Genotyp Pi-DLDE (0,73 Ferkel), LB-SH (0,87 Ferkel) und WSDu-Ib (1,12 Ferkel) festgestellt. Die meisten Verlusttiere sind beim Muttergenotyp Pi-LB mit 4,80 Tieren zu verzeichnen. Weiterhin sind bei den Genotypen LB-SH, Pi-DLDE und WSDu-Ib die Standardschätzfehler größer als die kleinste-Quadrate-Mittelwerte.

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Anzahl der Verlusttiere ist signifikant abhängig von der Wurfnummer ($p < 0,0001$).

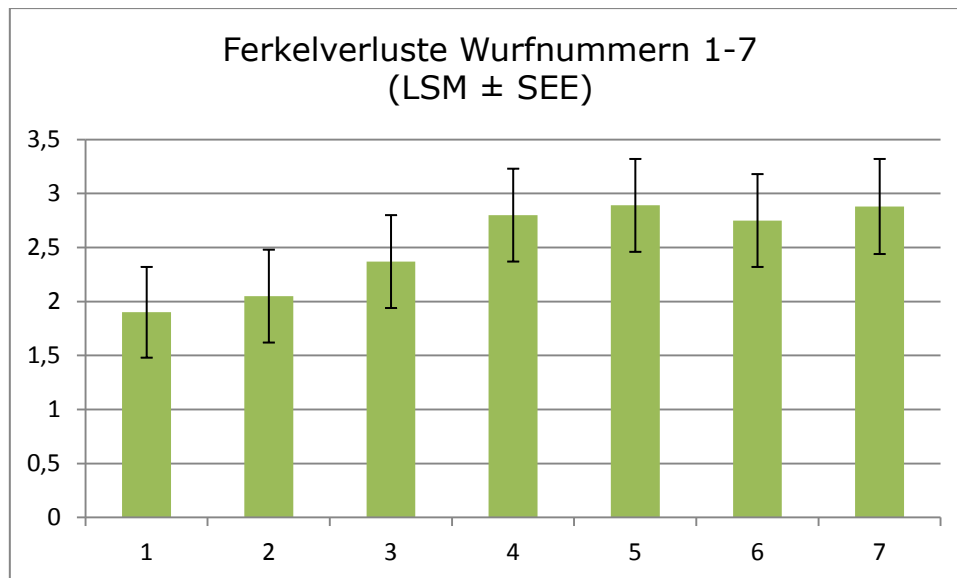


Abb. 31: Abhängigkeit der Ferkelverluste von der Wurfnummer

Die geringsten Ferkelverluste sind in Wurfnummer 1 zu erwarten (LSM = 1,90 Tiere). Im 2. Wurf steigt der Verlust um 0,15 Ferkel. Wurfnummer 1 und 2 unterscheiden sich nicht signifikant zueinander. Die Zahl der Verluste steigt bis Wurfnummer 5, bei der die meisten Abgänge mit einem LSM von 2,89 Tieren zu erwarten sind. In Wurfnummer 6 sind 2,75 totgeborene bzw. verendete oder euthanasierte Ferkel (LSM) zu verzeichnen. Ab dem 7. Wurf sind es 2,88 Tiere (LSM). Die Wurfnummern 4 bis 7 unterscheiden sich nicht signifikant voneinander (Anhangstabelle 20).

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Eine signifikante Abhängigkeit vom MHS-Genotyp liegt nicht vor ($p=0,3424$).

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Genotyp des Vattertieres beeinflusst signifikant die Ferkelverluste ($p < 0,0001$).

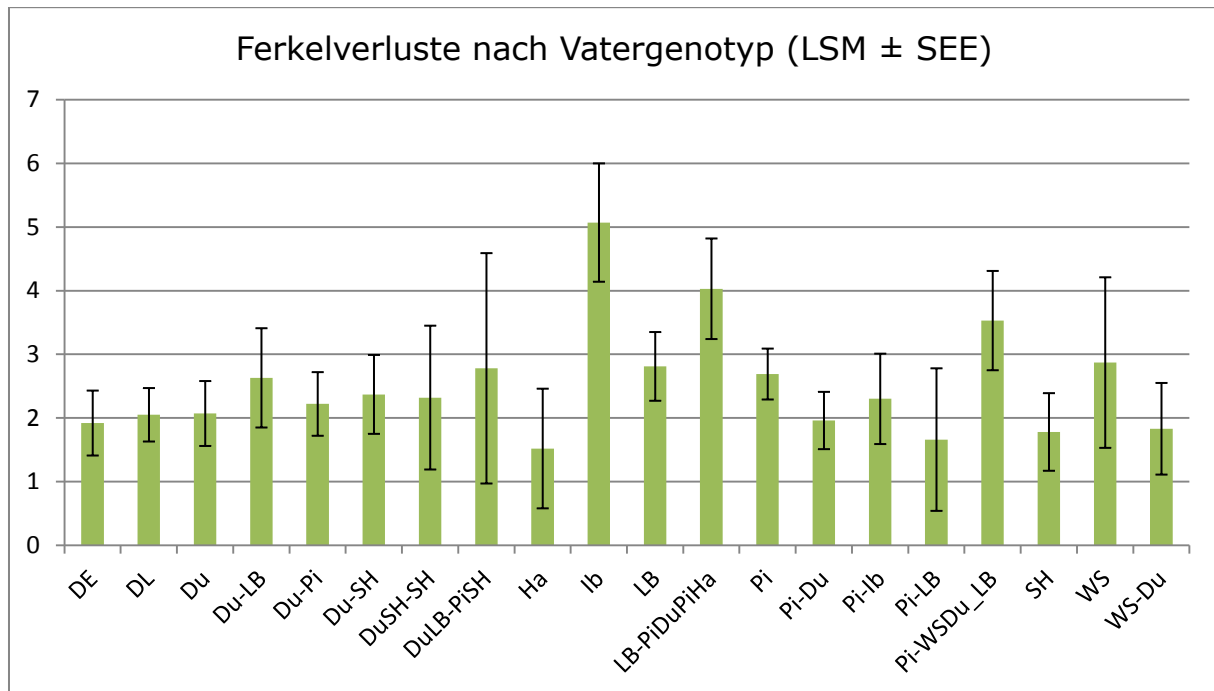


Abb. 32: Abhängigkeit der Ferkelverluste vom Vatergenotyp

Die meisten Verluste sind (unter konventionellen Bedingungen) bei der Rasse Ib mit 5,07 Ferkeln (LSM) zu erwarten. Außerdem haben die Kreuzungskombinationen Large Black x Pietrain-Duroc-Pietrain-Hampshire (LB-PiDuPiHa) mit 4,03 Tieren sowie Pi-WSDu_LB mit 3,53 Tieren ebenso eine hohe Anzahl an Ferkelverlusten zu verzeichnen. Die übrigen Rassen und Kreuzungskombinationen unterscheiden sich nicht signifikant voneinander (Anhang Tab. 19).

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Anzahl der Besamungsversuche hat keinen signifikanten Einfluss auf die Ferkelverluste ($p = 0,3021$).

4.7. Erdrückte Ferkel

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Der Genotyp des Muttertieres beeinflusst signifikant die Zahl der erdrückten Ferkel ($p = 0.0097$).

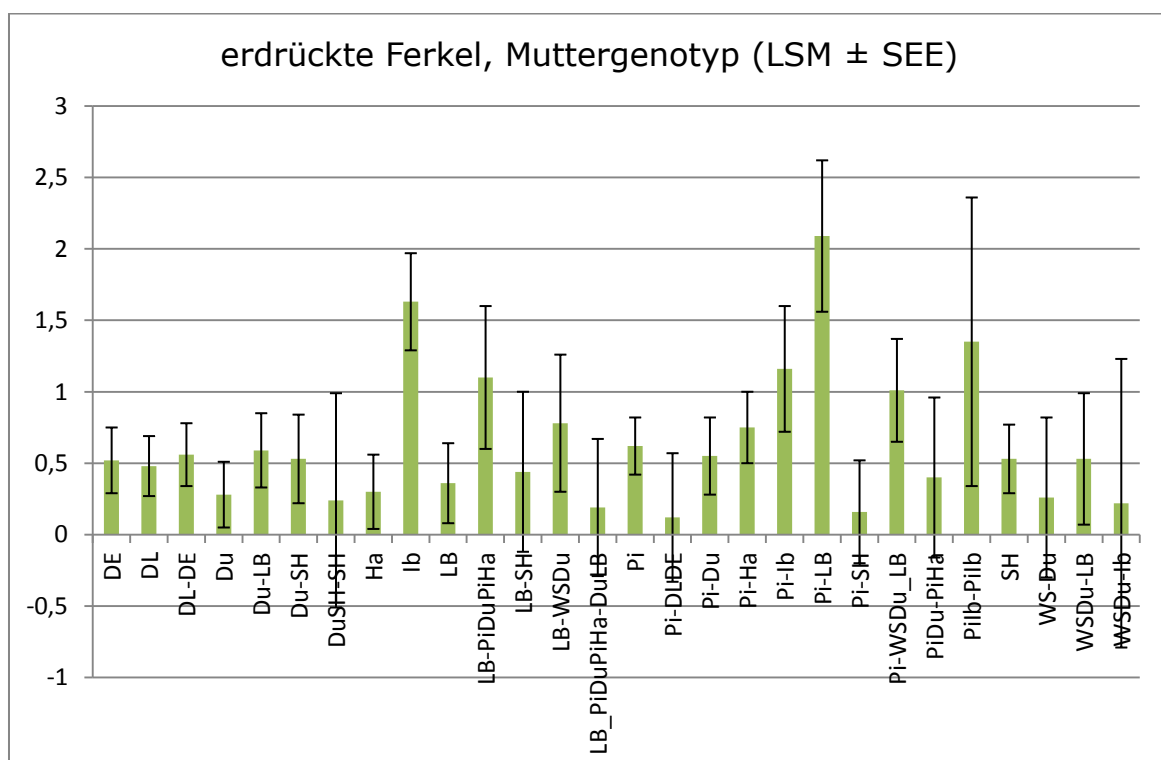


Abb. 33: Abhängigkeit der erdrückten Ferkel vom Muttergenotyp

Die meisten erdrückten Tiere sind bei der Kreuzungskombination Pi-LB mit 2,09 Ferkeln zu erwarten. Diese unterscheidet sich aber nicht signifikant von der Rasse Ib (1,63 Ferkel) sowie den Kreuzungen PiIb-PiIb (1,35 Ferkel), LB-PiDuPiHa (1,10 Ferkel), Pi-Ib (1,16 Ferkel) und Pi-WSDu_LB (1,01 Ferkel). Besonders wenig erdrückte Tiere sind bei dem Genotyp Pi-DLDE mit 0,12 zu verzeichnen (Anhang Tab. 21). Es ist wieder festzustellen, dass bei manchen Genotypen die Standardschätzfehler die kleinsten-Quadrate- Mittelwerte übertreffen (siehe Abb. 33).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Wurfnummer beeinflusst signifikant die Zahl der erdrückten Jungtiere ($p < 0,0001$).

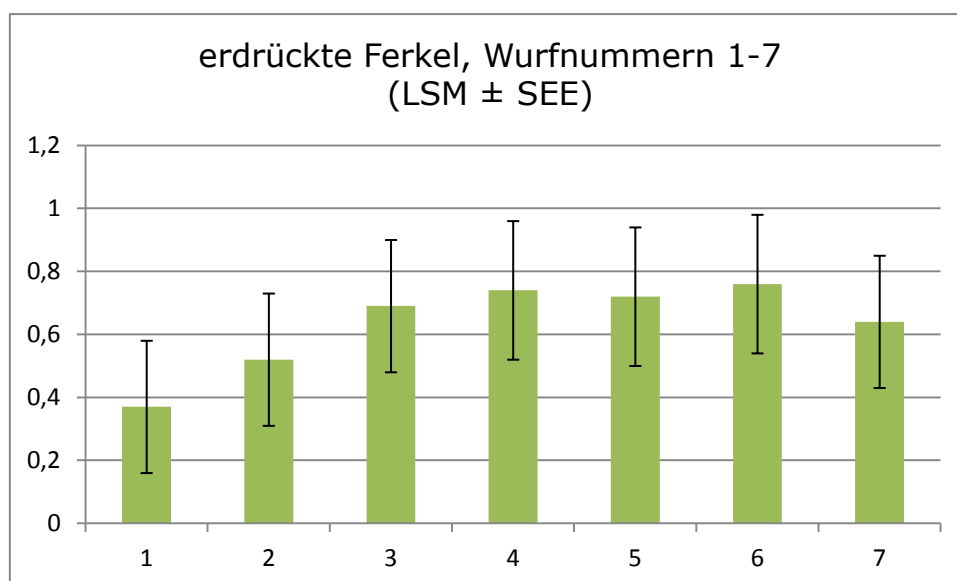


Abb. 34: Abhängigkeit der erdrückten Jungtiere von der Wurfnummer

Die Zahl der erdrückten Ferkel ist im 1. Wurf mit 0,37 Tieren (LSM) noch am geringsten. Im 2. Wurf liegt sie bei 0,52 Ferkeln. Sie steigt weiter tendenziell bis Wurfnummer 4 und fällt ab dem 7. Wurf wieder leicht ab. Die Anzahl erdrückter Ferkel unterscheidet sich ab dem 3. Wurf nicht signifikant voneinander (Anhang Tabelle 22).

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Mit einem p- Wert von 0,7061 ist keine Abhängigkeit der Anzahl an erdrückten Ferkeln vom MHS-Genotyp der Mutter zu erwarten.

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Einfluss des Vatergenotyps ist mit $p = 0,0762$ nur annähernd signifikant.

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Zahl der Jungtiere, die vom Muttertier erdrückt wird, ist nicht abhängig von der Besamungsanzahl ($p = 0,6760$).

Zwischen der Anzahl erdrückter und lebend geborener Ferkel besteht eine niedrige positive Korrelation von $r = 0,28$ ($p < 0,001$). In 72,35 % der Würfe wurde kein Ferkel erdrückt.

4.8. Trächtigkeitsdauer

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Auch die Länge der Trächtigkeit zeigt eine signifikante Abhängigkeit vom Muttergenotyp ($p=0,0278$).

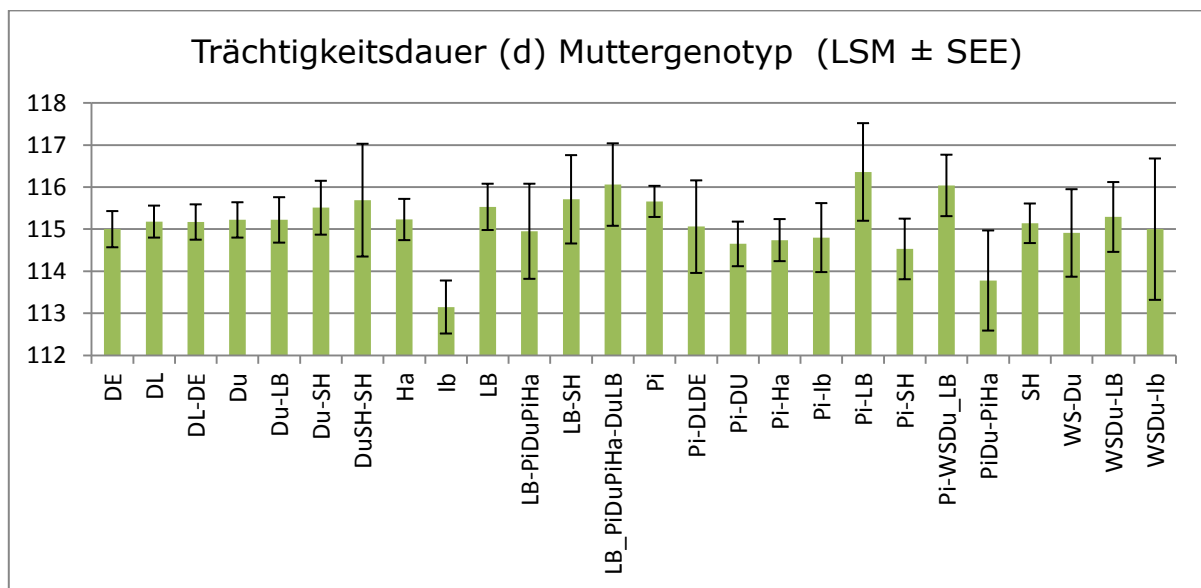


Abb. 35: Trächtigkeitsdauer verschiedener Muttergenotypen

Die kürzeste Tragezeit wurde bei den Ib-Sauen beobachtet und lag hier bei 113,15 Tagen. Bei der Rasse Pi ist im Vergleich zu den anderen Genotypen der Standardschätzfehler sehr gering und der kleinste Quadratische Mittelwert beträgt 115,67. Es gibt Genotypen, die noch eine minimal längere Tragezeit aufweisen (Höchstwert bei Pi-LB mit 116,36), allerdings ist hier auch der Standardschätzfehler höher. Ib unterscheidet sich signifikant ($p < 0,05$) von den anderen Muttergenotypen mit Ausnahme von DuSH-

SH, LB-PiDuPiHa, Pi-DLDE, Pi-Ib, Pi-SH, PiDu-PiHa, PiIb_PiIb, WS-Du, WSDu-IB und WSDu-LB (Anhang Tabelle 23).

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Wurfnummer beeinflusst ebenfalls signifikant die Länge der Trächtigkeit eines Schweins ($p < 0,0001$).

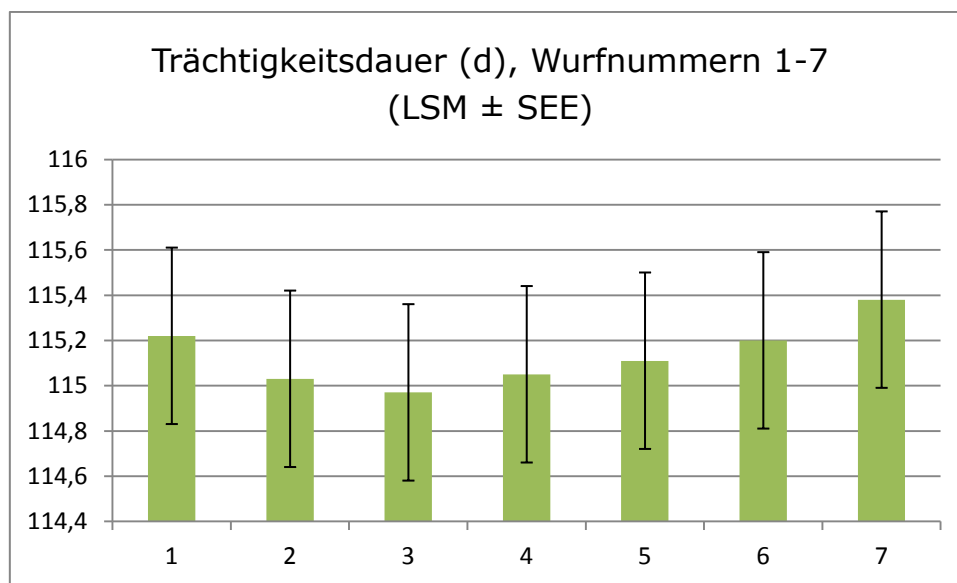


Abb. 36: Trächtigkeitsdauer der Wurfnummern 1-7

Die Ergebnisse zeigen etwas längere Tragezeiten bei Wurfnummer 1 (115,22) und ab Wurfnummer 7 (115,38 Tage). Die kürzeste Trächtigkeit ist im 3. Wurf mit 114,97 Tagen zu erwarten. Signifikante Unterschiede gibt es zwischen Wurfnummer 1 und dem 2. bzw. 3. Wurf. Ebenso unterscheidet sich Wurfnummer 7 signifikant von Wurf 2 - 5.

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Mit einem p-Wert von 0,8595 ist keine signifikante Abhängigkeit der Trächtigkeitsdauer vom MHS-Genstatus zu erwarten.

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Vatergenotyp nimmt signifikant Einfluss auf die Tragezeit ($p=0,0010$).

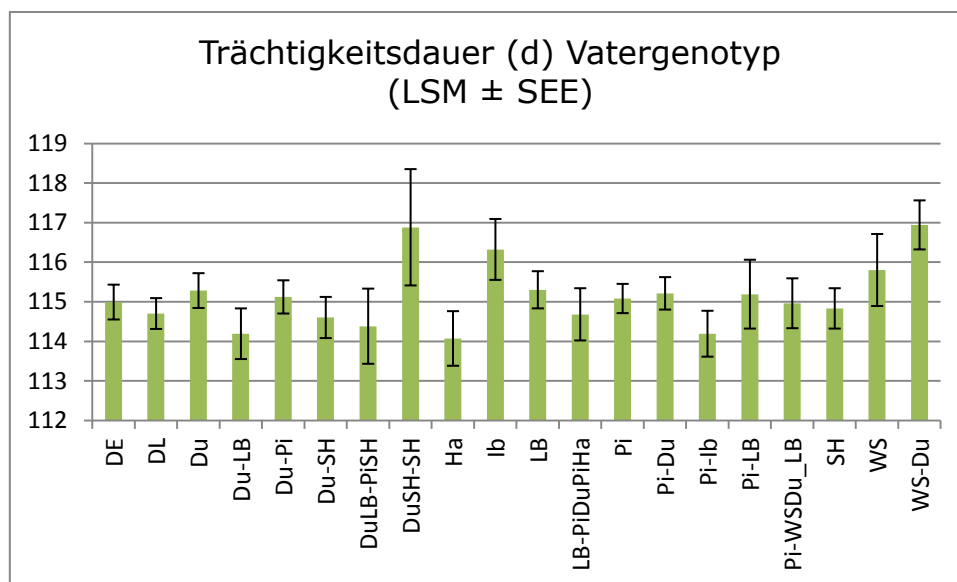


Abb. 37: Trächtigkeitsdauer (d) in Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Die kürzeste Tragedauer weist hier die Anpaarung mit der Rasse Ha mit $114,07 \pm 0,63$ Tagen auf. Die Kreuzungskombination WS-Du (LSM 116,94) unterscheidet sich mit Ausnahme der Genotypen DuSH-SH, WS und Ib signifikant von den anderen Genotypen. Zwischen den anderen Va-

tergenotypen zeigen sich nur vereinzelt signifikante Unterschiede (Anhang Tab. 23).

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Die Anzahl der Besamungen hat keinen signifikanten Einfluss auf die Länge der Trächtigkeit ($p = 0,6775$).

5. Diskussion

Ziel dieser Arbeit war es zu untersuchen, welche Genotypunterschiede in den Fruchtbarkeitsparametern auftreten. Die Ergebnisse sollten darüber Aufschluss geben, wie man anhand des Genotyps Einfluss nehmen könnte auf Zwischenwurfzeit, Anzahl lebend geborener und aufgezogener Ferkel (jeweils unterschieden in männliche und weibliche Tiere), Ferkelverluste sowie erdrückte Tiere, Trächtigkeitsdauer, Nutzungsdauer, Erstbelegungsalter der Sauen und Absetzalter der Ferkel. Die Untersuchungsergebnisse der einzelnen Parameter belegen diese Möglichkeit der Einflussnahme durch den Genotyp zum Großteil. Des Weiteren wurde untersucht, ob auch die Anzahl der Würfe (Wurfnummer) eines Tieres Einfluss auf diese Parameter haben. Außerdem wurde die Abhängigkeit vom MHS-Genotyp der Mutter und von der Anzahl der Besamungen pro Wurf getestet.

Es wurden insgesamt 2932 Würfe untersucht. Die Muttertiere dieser Würfe waren von unterschiedlichen Genotypen, welche sich allerdings nicht zu gleichen Teilen zusammensetzten. Die sogenannten „Exotenrassen“ wie Cerdo Iberico oder Wildschwein und deren Kreuzungen, waren nur in geringer Zahl (Anzahl der Würfe mit $n = 70$) im Vergleich zu den Tieren der Rasse Deutsches Edelschwein oder Pietrain vertreten. Dennoch konnten z.T. signifikante Unterschiede ermittelt werden. Die biologische Bedeutung wird in den jeweiligen Kapiteln erläutert. Da diese Tiere zum Teil aus Extensiv- oder zoologischer Haltung stammten, konnten nicht alle relevanten Daten, wie z.B. das Geburtsdatum der Muttertiere erfasst werden. Somit wurde bei den Ergebnissen zum Erstbelegungsalter kein Vergleich zwi-

schen allen Tieren gezogen. Es liegen nicht zu allen potentiellen Würfen die Ergebnisse der Abferkelung vor, da diese erst nach dem Untersuchungszeitraum (bis März 2014) erwartet werden. Alle Tiere, von denen Wurfinformationen vorliegen, wurden am Lehr und Versuchsgut Oberschleißheim gehalten, wo auch sämtliche Daten ermittelt wurden. Die Versuchstiere unterlagen somit fast alle den gleichen Umweltfaktoren und betrieblichen Managementsystem. Anhand der überwiegend gleichen Verfahrensweise im Abferkelmanagement, zootechnischen Verfahren, Fütterung, Haltungssystem, Impf- und Behandlungsregime konnte deren mögliche Beeinflussung auf die Fruchtbarkeitsparameter minimiert werden. Ausnahmen bilden hier nur, wie oben schon erwähnt, die Sauen aus der Extensivhaltung. Die saisonale Verteilung der Würfe erfolgte über das gesamte Jahr. Ein jahreszeitlicher Einfluss auf Aborte, Umrauschverhalten, LGF sowie Ferkelverluste (Hühn, 2002) konnte somit nicht ausgeschlossen werden. Der jahreszeitliche Einfluss wurde über die Aufnahme des Datums der erfolgreichen Belegung (letztes Decken) als Zufallseffekt im Varianzanalysemodell berücksichtigt.

5.1. Zwischenwurfzeit

Das höchste Ergebnis der Zwischenwurfzeit wurde bei einer Sau der Kreuzungskombination PiIb-PiIb mit einem kleinsten Quadrate-Mittelwert von 200,02 ermittelt, da zwischen dem zweiten und dritten Wurf 306 Tage lagen. Bei der Gesamtzahl der Würfe war dieser Genotyp nur durch ein Muttertier vertreten. Obwohl das Ergebnis eine statistische Signifikanz aufweist, ist die biologische und genotypische Bedeutung eher als fraglich zu interpretieren, aufgrund der geringen untersuchten Tieranzahl. Die, im

Vergleich zu den anderen, erhöhte Zwischenwurfzeit kommt durch die mehrmalige Besamung (insgesamt 3 Versuche bis zur erfolgreichen Bedeckung für den dritten Wurf) zu Stande. Bei den Extensivrassen, welche nicht im konventionellen Zuchtstall gehalten wurden, lässt sich die Verlängerung der Zwischenwurfzeit durch die alternative Aufstallung, z.B. in Schweinehütten und das modifizierte Besamungsmanagement begründen. Des Weiteren muss ein Umrauschen der Tiere oder pathologische Vorgänge wie Aborte in Betracht gezogen werden. Das Absetzalter der Würfe mit hohen ZWZ lag im arithmetischen Mittel bei 26,96 Tagen und wird somit als Ursache ausgeschlossen. Da auch der Genotyp des Muttertieres die Tragezeit signifikant beeinflusst, ist dies als mögliche Begründung für eine Verlängerung der ZWZ zu sehen, allerdings handelt es sich hierbei nur um wenige Tage. Wie schon im Ergebnisteil erwähnt, liegen bei der Kreuzungskombination WSDu-Ib nur die Daten zu Wurfnummer 1 vor, weswegen für diesen Genotypen keine Zwischenwurfzeiten angegeben werden können.

Auch der Vatergenotyp hat statistisch einen signifikanten Einfluss auf die ZWZ. Beim Einsatz von Ib- Ebern konnten die geringsten Abstände zwischen den Würfen ermittelt werden. Bei diesen Würfen handelte es sich jedoch allein um reinrassige Anpaarungen zwischen Ib- Sauen und Ib- Ebern. Zu beachten ist hier wiederum die geringe Tierzahl. Es handelt sich lediglich um 2 Anpaarungen bei denen eine ZWZ ermittelt werden konnte; beide stammen vom selben Vatertier. Weitere 5 Würfe reinrassiger Cerdo Iberico-Anpaarungen erfolgten allein von Jungsau (1. Wurf). Trotz nachgewiesener statistischer Signifikanz, ist die biologische und genetische

sche Bedeutung gering. Das Gleiche trifft auf die Würfe mit relativ hohen ZWZ zu; die Eber der jeweiligen Genotypen (Du-SH, DuSH-SH und WS) sind nur durch zwei bzw. ein Tier (Wildschweinkeiler) vertreten. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die statistische Analyse eine signifikante Abhängigkeit der ZWZ sowohl vom Genotyp des Vaters- als auch des Muttertieres ergab. Insgesamt ist eine biologische Relevanz eher als fraglich zu interpretieren, da die Unterschiede zwischen den Genotypen in den meisten Fällen nicht signifikant verschieden waren. Bei den Würfen, bei denen sehr hohe bzw. sehr niedrige ZWZ ermittelt wurden, waren die eingesetzten Tiere nur in geringer Zahl vertreten. Zum Teil waren die Zeitabstände zwischen den Besamungen auch haltungs- bzw. managementbedingt sehr hoch oder auch sehr niedrig durch ein relativ geringes Absetzalter. Diese Management bedingte Beeinflussung der Zwischenwurfzeit hatte erhebliche Auswirkungen auf die berechneten Ergebnisse. Bei der Anpaarung mit dem Keiler aus dem Tierpark Hellabrunn konnte ebenfalls kein konventionelles Besamungsmanagement betrieben werden. Der Deckakt kam erst zu Stande, als der Duldungsreflex der Sauen (Du, Pi-Du) vom LVG gegeben war. Diese führte also ebenso zu einer Management bedingten Verlängerung der Zwischenwurfzeit. Zwischenwurfzeiten von 176 Tagen (bzw. 197 Tagen) entstehen, wenn die erste bzw. auch zweite Rausche nach dem Absetzen nicht genutzt wurde oder die Sau zyklisch einmal (zweimal) umrauschte. Diese Zeitabstände sind somit nichts Außergewöhnliches.

5.2. Lebend geborene Ferkel

Bei der Anzahl der lebend geborenen Ferkel konnte eine signifikante Abhängigkeit sowohl vom Mutter- als auch vom Vatergenotyp sowie der Wurfnummer nachgewiesen werden.

Mit steigender Wurfnummer nimmt die Zahl der lebend geborenen Ferkel zu. Tendenziell am höchsten wird diese bei Wurfnummer 5 mit einem kleinsten- Quadrate- Mittelwert von 9,8 Tieren erreicht. Erst ab dem 6. Wurf muss man mit einer stetigen Abnahme der LGF rechnen. Die Anzahl LGF sinkt ab dem 7. Wurf unter die Wurfgröße der Jungsauen. Zum Teil wurden die Sauen am LVG bis zum 17. Wurf gehalten. Eine Abnahme der LGF nach dem 7. Wurf bestätigen auch die Ergebnisse des rheinischen Erzeugerrings von 2012 (Hilgers & Hühn, 2013). Dieses Ergebnis ist sowohl statistisch als auch biologisch relevant. Anhand der Resultate kann man über eine mögliche Begrenzung der Nutzungsdauer nach dem 6. Wurf diskutieren bzw. die Altsauen nur noch bei saisonal bedingten Einbußen für Zusatzbelegungen einsetzen (Hilgers & Hühn, 2013).

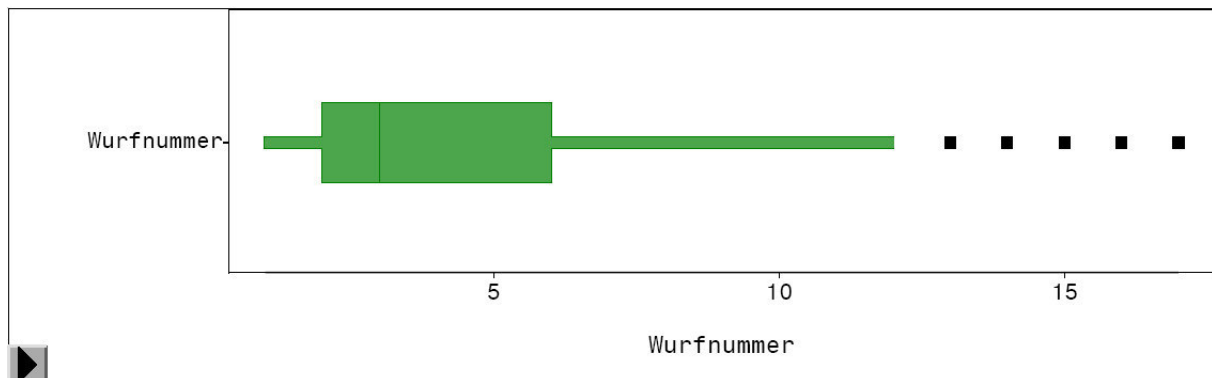


Abb. 38: Boxplot zur Wurfnummerverteilung der Sauen am Lehr- und Versuchsgut (Würfe ab dem 7. Wurf wurden in einer Klasse zusammengefasst)

Bei der Untersuchung der Abhängigkeit der LGF vom Muttergenotyp wurde der höchste LSM bei einer LBWS-Du-Sau ermittelt. Die Ergebnisse stammen von insgesamt 8 Würfen von ein und demselben Muttertier, aber acht unterschiedlichen Ebern (Vätern). Prinzipiell wies dieses Tier bei jedem Wurf eine hohe Zahl LGF auf. Inwieweit sich dies als besondere Fruchtbarkeitsleistung dieser bestimmten Kreuzungskombination interpretieren lässt, ist ebenso fraglich, da es sich bei den Untersuchungen nur um Ergebnisse eines Einzeltieres handelt. Jedoch waren die Leistungen aber in allen Würfen überdurchschnittlich gut, so könnte man annehmen, dass bei dem Muttertier-Genotyp LBWS-Du prinzipiell eine hohe Zahl LGF zu erwarten wären. Das Ergebnis vom Muttergenotyp PiIb-PiIb ist ebenso wie bei der ZWZ, zwar statistisch, aber nicht biologisch bzw. züchterisch relevant, da die Daten nur von einem Einzeltier stammen. Ebenso verhält es sich beim Genotyp WSDu-Ib. Auch bei der Rasse Cerdo Iberico konnte anhand von 24 Würfen nur eine geringe Anzahl LGF verzeichnet werden. Diese

Resultate sind im Rahmen des Versuchs folglich sowohl biologisch als auch statistisch relevant. Sie bestätigen die These von Lopez-Bote (1998) und die Angaben von Leenhouders und Merks (2013), dass die LGF und somit die Fruchtbarkeitsleistung dieser Rasse, im Vergleich zu anderen, eher gering ist. Eine geringe Zahl LGF wurde auch beim Genotyp WS-Du (Würfe $n=4$) festgestellt. Dieses Ergebnis weist ebenfalls tendenziell eine biologische Relevanz auf.

Bei den Vatertieren erzielte die Anpaarung mit der Rasse Ha die geringste Anzahl LGF. Allerdings stellt sich auch hier eine biologische Relevanz in Frage, da die Ergebnisse mit nur zwei Ebern ermittelt wurden. Einer dieser Eber kam nur bei Wurfnummer 2 zum Einsatz, der andere bei Wurfnummer 4 und 7. Es lässt sich somit hier der Einfluss der Wurfnummer nicht ausschließen, obgleich die Wurfnummer Bestandteil des statistischen Varianzanalysemodells ist. Eine hohe Zahl LGF konnte bei den Vatergenotypen Du-LB und Pi-LB trotz geringer Wurfnummern erzielt werden. Eine biologische Bedeutung dieser Ergebnisse ist möglich, dennoch muss hier die relativ geringe Zahl an Probanden (Du-LB Tiere $n=1$; 9 Würfe; Pi-LB Tiere $n=1$; 3 Würfe) beachtet werden (Siehe Abb. 21, Anhang Tab. 8).

In der Literatur finden sich für die Zahl der LGF verschiedener Schweine-rassen unterschiedliche Angaben. Die nachfolgende Tabelle (Tab. 4) soll diese mit den Ergebnissen der durchgeführten Studie vergleichen.

Tab. 4 Vergleich Literaturangaben und eigene Ergebnisse der lebend geborenen Ferkel (LGF)

Genotyp (Muttertier)	Literaturangaben zu Lebend geborene Ferkel (LGF)	Eigene Ergebnisse zu LGF
DL	12,60 ¹ ; 10,40 ²	10,22
DE	12,40 ¹ ; 11,50 ²	10,62
Pi	10,30 ¹ ; 9,13 ⁴	9,70
Du	10,60 ¹ ; 8,46 ⁴	8,68
LB	8,56 ³	7,84
SH	10,70 ¹	10,07
Ib	6,90 ²	6,85
Ha	5,50 ¹ ; 10,35 ⁴	9,72

¹Zuchtreport 2012, Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V.

²Leenhouders und Merks, 2013

³Rare Breeds Survival Trust, 2015

⁴Schweizer Schweinezuchtverband SUISAG, 2016

Die Unterschiede bei den Angaben und Ergebnissen lassen sich auf die unterschiedlichen Betriebssysteme und züchterischen Zielstellungen zurückführen.

5.3. Aufgezogene Ferkel

Neben der Zahl der LGF, spielt selbstverständlich die Anzahl aufzogener Ferkel (AUF) pro Wurf für den Ferkelerzeuger eine entscheidende Rolle. Sie ist sowohl vom Vater- als auch vom Muttergenotyp sowie der Wurfnummer abhängig. Im ersten und ab dem 7. Wurf ist mit einer geringeren AUF zu rechnen. Einerseits sind bei diesen Wurfnummern (im Vergleich zu Wurfnummer 2-6) auch die Anzahl LGF geringer, somit können auch weniger Ferkel aufgezogen werden. Andererseits kann man die Abnahme der AUF ab dem 7. Wurf auch mit einer erhöhten Verlustrate während der Säugezeit durch Absinken der Geburtsgewichte begründen (Hörügel, 2004; Trümpler et al., 2007). Die Ergebnisse bei der Variablen „erdrückte Ferkel“ bestätigen dies und werden dort näher diskutiert. Zwischen den Würfen 2, 3, 4, 5 und 6 konnten weder statistisch signifikante, noch biologisch relevante Unterschiede festgestellt werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass man anhand des Genotyps Einfluss auf die AUF nehmen kann. Die höchste Anzahl aufzogener Ferkel erzielten die Muttergenotypen Pi-DLDE und LB-WSDu. Sowohl bei Pi-DLDE als auch bei LB-WSDu basieren die Ergebnisse jedoch nur auf den Wurfdaten von zwei Sauen, welche allerdings 11 bzw. 8 Würfe zur Welt brachten. Bei all diesen Würfen waren die AUF (im Vergleich zur Zahl der LGF) sehr hoch. Die

Rassen und Kreuzungskombinationen mit wenigen AUF (WSDu-Ib, DuSH-SH, PiIb-PiIb, WSDu) sind wieder jene, welche nur durch geringe Tierzahlen/Würfe vertreten sind und somit eine eindeutige Aussage über die biologische Relevanz nicht zulassen (WSDu-Ib n= 1 Wurf, DuSH-SH n=2 Würfe, PiIb-PiIb n= 4 Würfe, WSDu n= 4 Würfe). Bei den übrigen Muttergenotypen sind aber eindeutig signifikante Unterschiede zu erkennen, was wiederum die biologische Bedeutung des Muttergenotyps für die AUF bestätigt. Bei den 6 Würfen, bei denen die AUF gleich null war, handelte es sich um drei Ib-Sauen und jeweils eine Sau vom Genotyp Pi, DL, und DE. Die Wurfnummern lagen bei 1-3 sowie 8 und 14. Aus den Daten geht hervor, dass die Jungtiere z.T. tot geboren, verendet sind bzw. erdrückt wurden. Auffällig war, dass besonders die Zahl der erdrückten Ferkel bei den Ib- Sauen sehr hoch war (bei einem Tier der gesamte Wurf!).

Auch bei den Vatertieren lassen die Cerdo Iberico- Tiere nur eine geringe AUF erwarten. Sowohl die Genotypen, die eine hohe, als auch eine niedrige AUF vorweisen, sind ebenfalls bei diesem Parameter nur durch wenige Einzeltiere vertreten. Da es sich aber bei deren Einsatz um mehrere Würfe handelt, könnte man neben der statistischen, auch eine biologische Signifikanz vermuten. Wie bereits beschrieben, wurde die niedrige Fruchtbarkeit bzw. kleine Wurfgröße von Cerdo Iberico von Lopez-Bote (1998) und Leenhouwers und Merks (2013) bestätigt.

Bei den untersuchten Würfen konnte sowohl für die Anzahl lebend geborener Ferkel als auch für die Anzahl aufgezogener Ferkel eine signifikante Abhängigkeit vom Vatergenotyp nachgewiesen werden. Köck et al. (2009) untersuchte beim Edelschwein und bei der Landrasse den Einfluss des

Ebers auf die Wurfgröße, der auch hier bestätigt wurde. Allerdings schätzten sie in dieser Studie nur sehr geringe paternale Heritabilitäten ($h^2=0-0,03$) für die genannten Fruchtbarkeitsmerkmale. Der Unterschied zur Studie von Köck et al. (2009) besteht jedoch in der Tatsache, dass der Effekt unterschiedlicher Eber bzw. deren Zuchtwerte innerhalb der Rasse untersucht wurde, während in der vorliegenden Arbeit der Fokus auf dem Vatergenotypen, das heißt auf der Rasse bzw. dem Kreuzungsgenotyp der Eber lag. Die vorliegende Studie und die Studie von Köck et al. (2009) kommen jedoch beide zu dem Schluss, dass die Wurfgröße nicht allein vom Muttertier bzw. vom Muttergenotyp abhängig ist. In der Schweinezucht dürfte der Fruchtbarkeitsteilzuchtwert der Eber eine größere Wirkung auf den Zuchtfortschritt in den Fruchtbarkeitsmerkmalen haben als der Fruchtbarkeitsteilzuchtwert der Zuchtsauen, da ein erfolgreicher Zuchteber (mit einem positiven Zuchtwert) mehr geprüfte Nachkommen aufweist bzw. aufweisen kann als eine erfolgreiche, positiv getestete Herdbuch-Zuchtsau. Dennoch ist wie bei Köck et al. (2009) im Vergleich zu den paternalen Heritabilitäten mit höheren maternalen Heritabilitäten für die Fruchtbarkeitsmerkmale ($h^2 = 0,07-0,11$) zu rechnen. Die Fruchtbarkeitsteilzuchtwerte der potentiellen Zuchteber werden naheliegenderweise aus deren Töchterleistungen geschätzt. In der vorliegenden Untersuchung spielt neben der Reinzucht aber auch die Kreuzungszucht und damit die Nutzung von (nicht-erblichen) Heterosiseffekten eine wesentliche Rolle. Speziell bei Merkmalen mit einer niedrigen Heritabilität - wie den Fruchtbarkeitsmerkmalen - ist abhängig von der Rasse mit positiven Heterosiseffekten zu rechnen (Cassady et al., 2002). So waren Landrasse-, Large White-, Yorkshire- und Chester White-

Jungsauen produktiver bei der Anpaarung mit Ebern anderer Rassen, während im Gegensatz Duroc-, Hampshire-, Pietrain- und Spot-Jungsauen höhere Fruchtbarkeitsleistungen in der Reinzucht zeigten. Gleichzeitig waren Jungsauen aus der Kreuzungszucht früher geschlechtsreif, zeigten höhere Zunahmen und zogen mehr Ferkel bis zum Absetzen auf als Reinzucht-Jungsauen (Cassady et al., 2002). In der eigenen Arbeit kann das für die Aufzuchtleistung von F1-Kreuzungssauen aus der Verpaarung von Deutscher Landrasse und Deutschem Edelschwein (DL-DE) bzw. von Duroc und Large Black (Du-LB) jeweils im Vergleich zu den Reinzuchtsauen bestätigt werden (Abb. 22, Anhang Tabelle 10). Der positive Heterosiseffekt beträgt bei DL-DE ca. 7 % und bei Du-LB sogar 22 % für die Anzahl aufgezogener Ferkel.

5.4. Aufgezogene männliche und weibliche Ferkel

Bei den untersuchten Würfen wurden insgesamt mehr weibliche ($n = 15680$) als männliche Ferkel geboren ($n = 14822$). Außerdem wurden im Vergleich zu den männlichen Jungtieren ($n = 12559$), auch mehr weibliche Ferkel aufgezogen ($n = 12830$), wobei sich bei den AWF und AMF die anfänglichen Unterschiede fast ausgleichen. Bei beiden Parametern konnte erwartungsgemäß wie bei der AUF eine Abhängigkeit vom Muttergenotyp und der Wurfnummer nachgewiesen werden. Ein Einfluss des Vatergenotyps konnte nur bei der AMF nachgewiesen werden, wobei bei den AWF eine gewisse Tendenz für die Abhängigkeit vom Vatergenotyp erkennbar ist ($p = 0,0992$). Eine mögliche Ursache für die unterschiedliche Einflussnahme des Vatergenotyps auf diese beiden Parameter könnte im höheren Geburtsgewicht der männlichen Ferkel liegen (Tuchscherer, 2000). Somit

könnte man annehmen, dass bei den untersuchten Würfen der genetische Einfluss zwar tendenziell vorhanden war, die weiblichen Tiere allerdings aufgrund eines geringeren Geburtsgewichts eine höhere Verlustrate aufwiesen und somit nicht erfasst werden konnten. Insgesamt muss bei diesen Parametern auch der Zusammenhang zur LGF und AUF gesehen werden. Die Sauen, die prinzipiell wenig Ferkel zur Welt bringen (Ib), weisen im Vergleich zu den anderen auch geringere Zahlen aufgezogener männlicher und weiblicher Ferkel auf. Bei den Genotypen mit einer hohen Anzahl LGF, sind auch größere Werte bei den AWF und AMF zu erwarten (LB-WSDu).

AMF und AWF unterscheiden sich nur zwischen dem 1. und ab dem 7. Wurf signifikant von den anderen Wurfnummern. Insgesamt ist die biologische Relevanz der Abhängigkeit der AWF und AMF von der Wurfnummer eher fraglich und bezieht sich daher auf die insgesamt aufgezogenen Ferkel. Die niedrigen LSM im 1. und ab dem 7. Wurf lassen sich mit den gleichen Ergebnissen bei der Anzahl LGF und AUF begründen. Außerdem ist die weitere Nutzung eines Muttertieres auch und besonders durch die Zahl der LGF nach dem 3. Wurf wirtschaftlich von Bedeutung (Wähner & Hoy, 2009).

5.5. Ferkelverluste

Verluste aufzuchtfähiger Jungtiere entstehen durch Erdrücken, Euthanasie bzw. Merzung kranker und lebensschwacher Ferkel, Totgeburten und Verendungen (Hörügel, 2004). Bei den Ferkelverlusten konnte eine statistisch signifikante Abhängigkeit vom Mutter- und Vatergenotyp nachgewiesen werden. Es lässt sich vermuten, dass hauptsächlich Schweine in

Extensivhaltung (Wildschwein, Cerdo Iberico) höhere Verluste zeigen, durch beispielsweise mangelnden Schutz vor Erdrücken. Die Ergebnisse bestätigen das zum Teil. Die Rasse Ib hat höhere Verluste als die Rassen DE, DL, Pi oder Du zu verzeichnen. Auch die Kreuzungskombinationen mit Ib-Anteil zeigen im Vergleich zu den anderen höhere Verluste. Ein Zusammenhang zum Wildschwein-Anteil lässt sich jedoch nicht eindeutig erkennen.

Wie schon im Kenntnisstand beschrieben, spielt das Geburtsgewicht der Ferkel für deren Überleben und Aufzucht eine entscheidende Rolle. Hörügel (2004) beschreibt, dass ein Ferkel mit weniger Geburtssmasse, leichter erdrückt werden kann und auch häufiger dazu neigt, an einer infektiösen Faktorenkrankheit wie z.B. Durchfall- oder Gelenkserkrankungen zu leiden. Die Geburtssmasse ist wiederum genetisch bedingt (Röhe & Kalm, 2004), was die vorliegenden Ergebnisse bestätigen, wenn man davon ausgeht, dass die Verluste hauptsächlich durch lebensschwache Ferkel zustande kommen. Röhe und Kalm (2004) sehen eher eine genetische Beeinflussung des Geburtsgewichts als der Ferkelverluste an sich. Sie begründen den genetischen Einfluss mit der Wirkung der Mutter auf das intrauterine Wachstum der Ferkel. Es ist also anzunehmen, dass die Genotypen, sowohl der Mutter als auch des Vatertieres das Gewicht und somit die Verlustrate beeinflussen. Knol et al. (2002) sehen allerdings die genetischen Unterschiede im Hinblick auf die Körperzusammensetzung anstatt des Geburtsgewichts als entscheidend an, um die Ferkelverluste zu senken. Ein höherer Körperfettanteil wirkt sich positiv auf die Überlebensrate der Ferkel aus. Übereinstimmend konnten Mitchell et al. (2012b) zeigen,

dass im Zeitraum von der Geburt bis zum Absetzen die leichtesten Ferkel mit einem durchschnittlichen Geburtsgewicht von 1,3 kg eine um 45,7 % geringere Fettzuwachsrate und um 37,6 % geringere Magergewebezunahme aufwiesen als die schwersten Ferkel mit einem durchschnittlichen Geburtsgewicht von 1,62 kg. Dieses Ergebnis spiegelte sich auch in den Differenzen des prozentualen Fettgewebe- und Magergewebeanteils zum Zeitpunkt des Absetzens wieder.

Bei der Wurfnummer waren ebenfalls signifikante Unterschiede zu erkennen. Die Aussage von Trümpler et al. (2007), dass die Verluste mit steigender Wurfnummer zunehmen, konnte bestätigt werden. Im 1. und 2. Wurf muss noch mit den geringsten Ferkelabgängen gerechnet werden. Hoy (2012) beschreibt ebenfalls eine tendenzielle Zunahme der Ferkelverluste mit steigender Wurfgröße. Es konnte zwar keine signifikante Differenz zwischen den Wurfnummern 4 bis 7 festgestellt werden, dennoch weisen die Ergebnisse eine biologische Relevanz auf. Der Anstieg der Verluste durch totgeborene Ferkel kann man mit einem Nachlassen der Gebärtüchtigkeit im zunehmenden Alter begründen (Hilgers & Hühn, 2013). Bei den untersuchten Würfen kamen insgesamt 32298 Ferkel zur Welt. 5315 dieser Tiere waren entweder totgeboren oder verendeten während der Säugeperiode. Das ergibt pro Wurf eine durchschnittliche Verlustrate von 16,46%. Die Annahme von Plonait (2004b), dass 15 % der Ferkel eines Wurfs entweder tot geboren werden oder nach der Geburt verenden, konnte somit annähernd bestätigt werden. Die Zahl der totgeborenen Tiere steigt mit Zunahme der Wurfgröße (Abb. 39). Im Vergleich zu den Untersuchungen der Qualitätsferkel des rheinischen Erzeugerrings von 2012

(Hilgers & Hühn, 2013), konnte ein Gleichbleiben der Verlustrate in Wurf 1 bis 10 nicht bestätigt werden.

5.6. Erdrückte Ferkel

Die Ergebnisse zeigen, dass als Hauptkomponente für die Ferkelverluste (wenn man von totgeborenen absieht, siehe Abb. 39) das Erdrücken der Tiere in Frage kommt und bestätigen auch die Aussage von Hoy (2012), der diesen Anteil mit 36- 47% beschreibt.

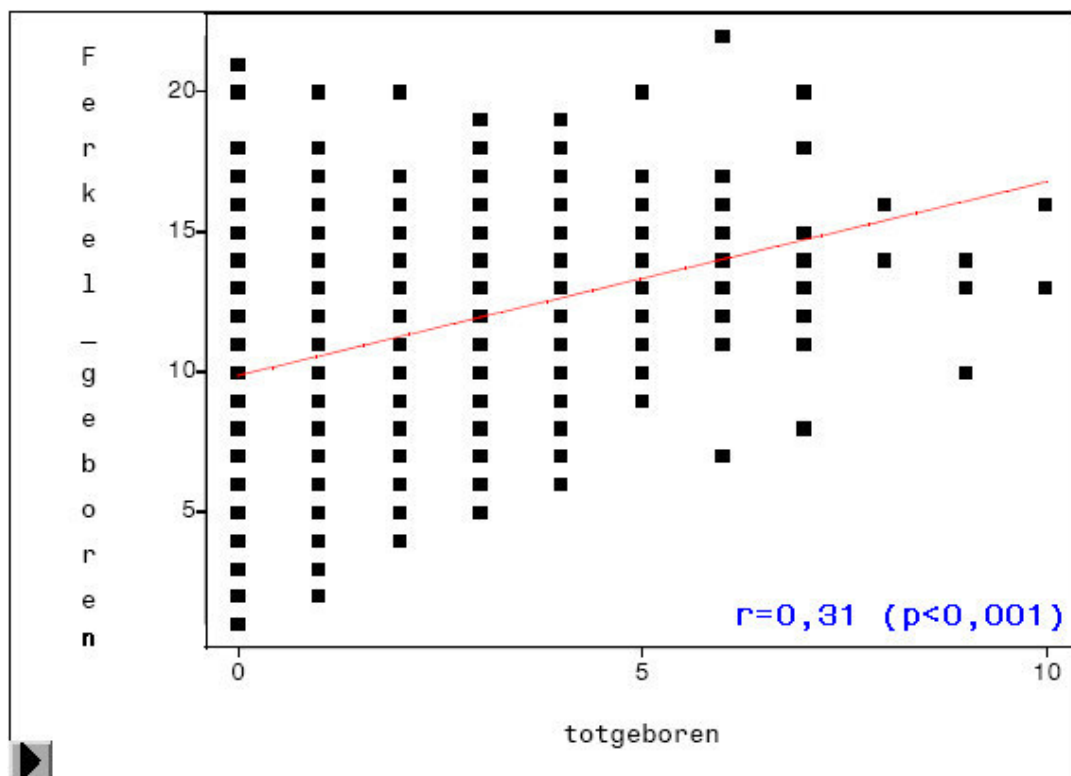


Abb. 39: Verteilung der totgeborenen Ferkel auf die Zahl der gesamt geborenen Ferkel.

Der Großteil der Zuchtsauen wurde am Lehr- und Versuchsgut in klassischen Abferkelbuchten mit Ferkelschutzkorb gehalten, welche aus haltungstechnischer Sicht ein Erdrücken der Jungtiere durch Ausweichmöglichkeiten verhindern soll (Weber, 2006). Ein Teil der "exotischen" Zuchtsauen wurde jedoch in einem freien Abferkelsystem am Lehr- und Versuchsgut gehalten (siehe Abbildungen 11 und 12). Die Ergebnisse zeigen, dass Ferkelverluste durch Erdrücken sowohl im freien Abferkelsystem als auch im konventionellen Haltungssystem auftreten. Eine Differenzierung nach Haltungssystem war für diese Analyse jedoch nicht möglich, da die konventionellen Genotypen allein im konventionellen Haltungssystem mit Ferkelschutzkorb gehalten wurden. Der Effekt des Muttergenotyps auf die Anzahl erdrückter Ferkel ist folglich zum Teil verzerrt, da nicht alle Muttergenotypen in beiden Haltungssystemen gehalten wurden. Die tendenziell höheren Ferkelverluste durch Erdrücken bei den "exotischen" Muttergenotypen (insbesondere Ib) sind zumindest teilweise auf das freie Abferkelsystem und nicht auf den Genotyp zurückzuführen.

Insgesamt nimmt die Anzahl erdrückter Ferkel jedoch mit der Wurfgröße zu (siehe Abbildung 40).

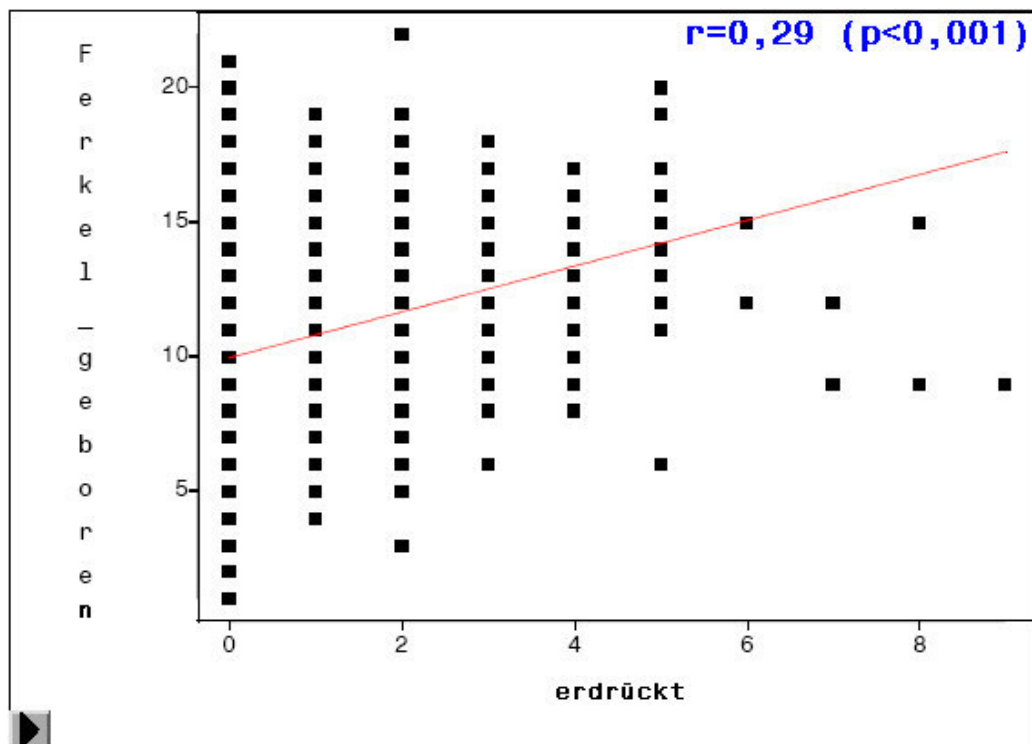


Abb. 40: Verteilung der erdrückten Ferkel auf die Zahl der gesamt geborenen Ferkel.

Eine weitere Ursache könnten Fundamentsprobleme einzelner Muttergenotypen sein. Ist das Fundament eher mangelhaft, muss vermehrt mit erdrückten Ferkeln gerechnet werden, da die Beweglichkeit aufgrund von Schmerzen deutlich schlechter ist (Hilgers & Hühn, 2008). Außerdem könnten mangelnde Muttereigenschaften bzw. vermehrte Aggressivität der Sau zu erhöhten Erdrückungsverlusten führen. Für Mütterlichkeit und Aggressivität wird eine genetische Beeinflussung vermutet, die sich allerdings züchterisch nur sehr schwer beeinflussen lässt (Gäde, 2005). Lebensschwache und kranke Ferkel erliegen einem höheren Risiko erdrückt

zu werden (Uecker, 2004). Bei den nicht fluchtfähigen, sogenannten Spreizferkeln wird eine genetische Ursache postuliert (Bickhardt, 2004, Wimmers, 2007). Hörügel (2004) erklärt einen Zusammenhang zwischen Geburtsmasse und der Häufigkeit des Auftretens von Spreizferkeln. Es stellt sich somit die Frage, ob die Ferkel bestimmter Genotypen lebensschwächer sind, eher zum Grätschen neigen und deshalb leichter erdrückt werden. In der eigenen Untersuchung wurden bei den Kreuzungskombinationen Pi-LB, Pi-Ib, LB-PiDuPiHa, Pi-WSDu_LB und der Rasse Ib die meisten Verluste durch Erdrücken registriert. Diese Ergebnisse korrelieren auch zum Großteil mit denen der Ferkelverluste insgesamt. Die genannten Genotypen zeigen zwar untereinander keine signifikanten Unterschiede, unterscheiden sich aber von den anderen Kreuzungskombination und Rassen signifikant. Betrachtet man die Ergebnisse der reinrassigen Pietrain und Large-Black-Versuchstiere, so zeigen diese im Vergleich zu den oben genannten eine geringere Zahl an Ferkelverlusten durch Erdrücken. Es fällt auf, dass sowohl die reinrassigen Ib- Tiere als auch die Kreuzungstiere mit Ib-Genanteilen signifikant mehr erdrückte Ferkel aufweisen als andere Genotypen. Lopez-Bote (1998) beschreibt Cerdo Iberico (Ib) zwar mit guten Muttereigenschaften, allerdings könnten hier eventuell auch die klimatischen Verhältnisse eine Rolle spielen. Die Sauen wurden unter anderen Temperaturbedingungen gehalten als in ihrem Ursprungsgebiet in Spanien. Dies könnte eventuell zu einer höheren Belastung und damit zum Abfall der Muttereigenschaften geführt haben, was die hohen Verluste im Vergleich zu den anderen Rassen und Rassekombinationen erklären könnte. Wie schon von Gäde et al. (2005) beschrieben, nimmt mit steigender Wurfnummer die Zahl erdrückter Ferkel zu (siehe auch Abb. 35). Die Au-

torin begründet dies mit einer zunehmenden Labilität des Fundaments der Muttersau und einem somit unkoordiniertem Bewegungsablauf in der Abferkelbox. Außerdem beschreibt sie mit zunehmender Wurfnummer auch den Anstieg der Aggressivität der Mutter, welche am LVG allerdings nicht beobachtet wurde. Uecker (2004) erwähnt ebenso die Trägheit und die fehlende Mütterlichkeit bei älteren und mastigen Tieren. Bei dieser Analyse war ein stetiger Anstieg der erdrückten Ferkel erkennbar (mit Ausnahme von Wurfnummer 7), was zeigt, dass auch die Jungsauen in diesem Versuch mit guten Muttereigenschaften ausgestattet waren. Ab dem 3. Wurf waren keine signifikanten Unterschiede zu verzeichnen. Die niedrigere Erdrückungsrate bei Sauen ab dem 7. Wurf könnte darauf hindeuten, dass nur noch Sauen mit besonders ausgeprägter Mütterlichkeit solange für die Ferkelerzeugung und Reproduktion eingesetzt wurden (Abb. 34).

5.7. Trächtigkeitsdauer

Bei den Würfen, bei denen sowohl das Deck- als auch das Abferkeldatum bekannt waren, wurde die Länge der Tragezeit erfasst und ebenso statistisch analysiert. Im Durchschnitt wurde bei den untersuchten Würfen eine Trächtigkeitsdauer von 115,36 Tagen erreicht. Das Ergebnis liegt über dem Wert, den Aumüller (2000) mit durchschnittlich 114 Tagen Tragezeit angibt. Wähner et al. (2012) beschreiben eine Trächtigkeitsdauer von 115 Tagen und geben Schwankungen von 108 bis 120 Tagen an. Die in der vorliegenden Studie untersuchten Würfe zeigten ebenfalls deutliche Abweichungen im Zeitraum von der Belegung bis zur Geburt. Die Zeitspanne schwankte zwischen 106 und 124 Tagen. Es wurde nur in Ausnahmefällen eine medikamentöse Geburtseinleitung im Rahmen des Fruchtbarkeitsma-

nagements vorgenommen. Wie schon in Kapitel 2.2.2 beschrieben, können prinzipiell diverse infektiöse und nicht infektiöse Ursachen dazu führen, dass die physiologische Trächtigkeitsdauer unterschritten wird. Thorup (2013) beschreibt außerdem eine Verkürzung der Tragezeit um einen Tag durch die Fütterung von Zuckerrübenschnitzeln. Eine Verlängerung der Tragezeit ist ebenso durch exogene Faktoren möglich. Parvovirus-Infektionen können eine Trächtigkeitsdauer von bis zu 120 Tagen hervorrufen. Die Wurfgröße beeinflusst die Tragezeit ebenfalls (siehe Abb. 41). Je mehr Ferkel geboren werden, umso kürzer erstreckt sich der Zeitraum von der Belegung bis zur Geburt (Thorup, 2013). Sehr gut deutlich wird dieser Zusammenhang zusätzlich, wenn man die Abbildung 20 (Wurfgröße nach Wurfnummer) und Abbildung 36 (Trächtigkeitsdauer nach Wurfnummer) gegenüberstellt. Die Wurfnummern 2-6 zeigen die kürzesten Trächtigkeiten bei gleichzeitig großen Würfen (LGF), während die Wurfnummern 1 und 7 mit den kleinsten Würfen die längsten Trächtigkeiten aufweisen. Wähner et al. (2012) beschreiben zudem den genetischen Einfluss des Muttertieres. Die eigenen Ergebnisse zeigen, dass der Genotyp der Sauen die Tragezeit beeinflusst. Obwohl sich der Großteil der untersuchten Rassen und Kreuzungskombinationen nicht signifikant voneinander unterschied, gab es einzelne Genotypen die im Vergleich zu den anderen einen signifikanten Unterschied aufwiesen. Die geringste Tragezeit (Tabelle 23 im Anhang) konnte bei den Ib-Sauen (113,15 Tage) ermittelt werden, hier war allerdings die Zahl der untersuchten Würfe ($n=24$) im Vergleich zu beispielsweise den Pi-Muttertieren mit einer Tragezeit von 115,66 Tagen ($n= 541$) eher niedrig. Die Pi-Sauen weisen zum Großteil der anderen Genotypen einen signifikanten Unterschied auf.

Der Vatergenotyp beeinflusst ebenfalls die Trächtigkeitsdauer. Man kann den paternalen Einfluss mit einer Einwirkung auf die Geburtsgewichte und somit die Wurfgröße vermuten. Wie zuvor schon erwähnt, verkürzt sich mit Zunahme der Wurfgröße die Trächtigkeitsdauer (Thorup, 2013). Dies zeigt auch die nachfolgende Grafik (Abb. 41).

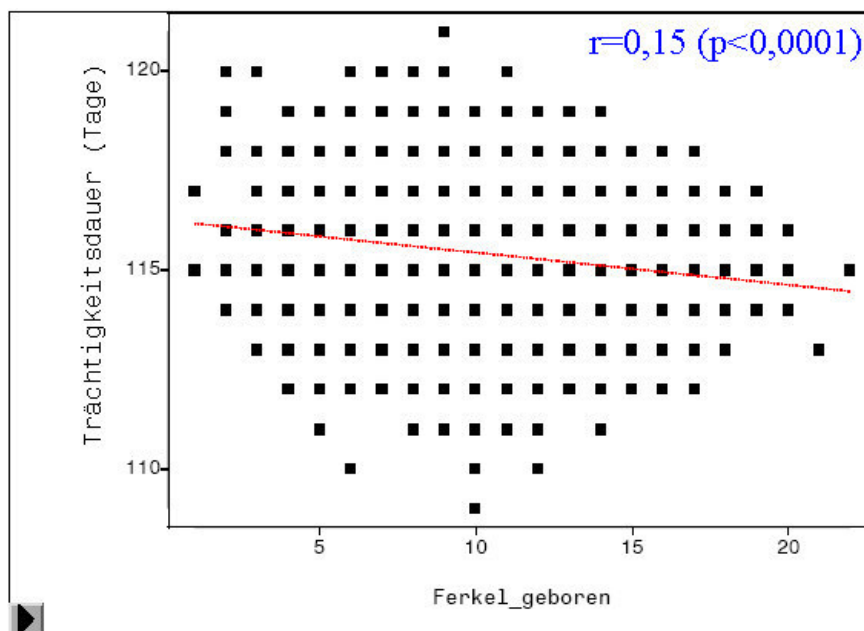


Abb. 41: Abhängigkeit der Trächtigkeitsdauer von der Zahl der insgesamt (einschließlich tot-) geborenen Ferkel

Bei der durchgeführten Untersuchung wurde festgestellt, dass die Würfe mit den Vatergenotypen Ib und WSDu die kleinsten Würfe sind und auch die längsten Trächtigkeiten aufweisen. Ebenso verhält es sich bei den Muttergenotypen. Bei der Rasse Ib könnte die kurze Trächtigkeitsdauer jedoch auch genetisch bedingt sein. Zusätzlich belegen die Ergebnisse einen signifikanten Einfluss der Wurfnummer auf die Tragezeit. Auch Wähner et al. (2012) beobachteten mit zunehmender Wurfnummer eine Verlänge-

rung des Trächtigkeitszeitraumes. Jungsauen weisen eine um 0,5 Tage kürzere Tragezeit als Altsauen auf. Auch in der eigenen Untersuchung war die Trächtigkeitsdauer im 1. Wurf 0,16 Tage kürzer als die Tragezeit ab dem 7. Wurf. Sie war allerdings in Wurf 2 und 3 signifikant kürzer als im 1. Wurf. (0,19 Tage und 0,25 Tage). Insgesamt waren die Unterschiede zwischen den einzelnen Wurfnummern nicht größer als 0,41 Tage. Man muss aber beachten, dass es trotzdem ab dem 7. Wurf zu größeren Zeitabständen kommen kann, welche eventuell auch die Tragezeit um mehr als einen Tag verlängern. Die eigenen Ergebnisse lassen erhebliche tierindividuelle Unterschiede erkennen.

5.8. Der Einfluss des MHS-Genotyps

Bei allen untersuchten Variablen konnte keine statistische signifikante Abhängigkeit vom MHS-Genotyp nachgewiesen werden. In der Analyse waren sämtliche Genotypen in Bezug auf die maligne Hyperthermie vertreten, wobei der Großteil der Muttertiere den Genotypen NN aufwies, lediglich 2 Tiere waren MHS-Gen-homozygot positiv (Genotyp PP). Bei 487 Würfen waren die Muttertiere MHS-Gen-heterozygot (insgesamt 89 Sauen). Hörügel (1994), Matousek et al. (2002), Omelka et al. (2006) konnten hingegen nachweisen, dass MHS-negative Sauen (innerhalb einer Rasse bzw. eines Kreuzungsgenotyps) im Hinblick auf Wurfgröße, Wurfmasse und mittlere Geburtsgewichte der Ferkel deutlich bessere Ergebnisse erzielten als stressanfällige Sauen bzw. Tiere mit variabler Stressreaktion. Münster et al. (2008) belegten außerdem den Einfluss des MHS-Genstatus auf die Spermienmotilität. Homozygote, MHS-positive (pp) Tiere wiesen

eine geringere Spermienmotilität auf als die MHS-negativen (NN) Eber (62,6 % vs. 77,8 %).

5.9. Der Einfluss der Anzahl der Besamungen

Bis auf die Variable „Zwischenwurfzeit“ konnte kein weiterer Nachweis über den signifikanten Einfluss dieses Effekts bewiesen werden. Bei der Zwischenwurfzeit war diese signifikante Abhängigkeit zu erwarten, da ein erneuter Besamungsversuch nach 21 Tagen (oder länger) automatisch zur Verlängerung der Zeitspanne zwischen den Würfen führte. Dennoch spielt die Anzahl der Besamungen besonders aus ökonomischer Sicht eine wichtige Rolle, da eine Verlängerung der Zwischenwurfzeit erhebliche Kosten verursacht (Pabst, 2013).

5.10. Absetzalter, Erstbelegungsalter, Nutzungsdauer

Die Ergebnisse zur Beeinflussung von Absetzalter, Erstbelegungsalter und Nutzungsdauer durch den Genotyp und die Wurfnummer befinden sich im Anhang. Da es sich bei diesen Parametern um Variablen handelt, die sich überwiegend durch das Betriebsmanagementprogramm beeinflussen lassen, lässt sich hier keine konkrete Aussage bezüglich der biologischen Relevanz treffen.

5.11. Schlussfolgerung

Bei allen untersuchten Fruchtbarkeitsvariablen ließ sich eine Beeinflussung durch den Mutter- und zum Großteil auch durch den Vatergenotyp nachweisen. Als problematisch stellte sich hierbei die z.T. geringe Probandenzahl einiger Rassen und Kreuzungskombinationen dar. Dennoch kann man anhand der Daten schlussfolgern, dass unterschiedliche Schweinegenotypen verschiedene Ergebnisse bei den Parametern wie Trächtigkeitsdauer, Wurfgröße (LGF), Ferkelverluste (einschließlich erdrückte Tiere), Aufzuchtleistung (AUF, männlich/weiblich) und teilweise in der Zwischenwurfzeit erwarten lassen. Nicht alle statistisch signifikanten Unterschiede erweisen sich als biologisch relevant. So muss man beispielsweise trotz nachgewiesener statistisch signifikanter Abhängigkeit der Zwischenwurfzeit vom Genotyp mit einer starken Beeinflussung durch Umwelteinflüsse insbesondere durch betrieblich bedingte Maßnahmen rechnen. Bei der Trächtigkeitsdauer zeigen die Ergebnisse zwar signifikante Unterschiede, diese sind allerdings so gering, dass ein wirtschaftlicher Nutzen daraus nur bedingt gezogen werden kann. Hingegen konnte eine biologische Relevanz für die Beeinflussung von LGF und AUF sowie der Ferkelverluste durch den Genotyp ermittelt werden.

Der Einfluss der Wurfnummer stellte sich bei allen Variablen als wichtiger Faktor dar. Die Ergebnisse dieser Studie belegen bzw. erweitern somit die Erkenntnisse aus der Literatur vor allem um die Fruchtbarkeitsleistungen von den für Deutschland eher exotischen Rassen bzw. Kreuzungskombinationen mit Large Black, Cerdo Iberico und Wildschwein x Duroc. Speziell die F1-Kreuzungssauen aus Duroc und Large Black zeigen einen unerwar-

tet hohen Heterosiseffekt (22 %) für die Anzahl aufzogener Ferkel/Wurf.

6. Zusammenfassung

Da die Fruchtbarkeit für die Wirtschaftlichkeit eines ferkelerzeugenden Betriebes eine entscheidende Rolle spielt, stellt sich stets die Frage, inwieweit sich diese beeinflussen und verbessern lässt. In dieser Studie sollte herausgefunden werden, ob der Genotyp des Mutter- und des Vatertieres Einfluss auf diverse Fruchtbarkeitsparameter haben. Die vorliegenden Daten wurden in einem Zeitraum von September 1994 bis März 2014 am Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim gesammelt. Insgesamt wurden 2932 Würfe von 875 Sauen untersucht, die mit 626 verschiedenen Ebern angepaart wurden. Die Genotypen setzten sich sowohl aus reinrassigen Tieren (Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse, Duroc, Pietrain, Hampshire, Large Black, Cerdo Iberico und Schwäbisch Hällisches Schwein) als auch deren verschiedenste Kreuzungskombinationen (sowie Kreuzungen mit Wildschwein) zusammen. Die Sauen wurden im 3-Wochen-Rhythmus im Rein-Raus-Verfahren mit 28 Tagen Säugezeit gehalten. Alle Tiere unterlagen einem Fruchtbarkeitsmanagementprogramm für die duldungsorientierte bzw. terminorientierte Besamung (KB und Natursprung).

Die Berechnung, der in der Fruchtbarkeitsanalyse ermittelten Daten erfolgte durch eine Mischmodellanalyse mittels REML mithilfe der Statistik-Software SAS 9.3. Die Signifikanzgrenze wurde auf $p \leq 0,05$ festgelegt. Zu den untersuchten Variablen gehörte die Zwischenwurfzeit, die Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), die Anzahl aufgezogener Ferkel (AUF), die Anzahl aufgezogene weibliche (AWF) und männliche Ferkel (AMF), Ferkelverluste, erdrückte Tiere und die Trächtigkeitsdauer. Des Weiteren wurde

die Beeinflussung der Parameter durch die Wurfnummer, den MHS-Genotyp des Muttertieres und die Anzahl der Besamungen untersucht.

Bei allen Variablen konnte eine Abhängigkeit vom Muttergenotyp sowie der Wurfnummer und beim Großteil auch eine Beeinflussung durch den Vatergenotyp nachgewiesen werden. Der Muttergenotyp PiIb-PiIb wies mit 200 Tagen (Kleinste Quadrate Mittelwert) gefolgt von WS-Du (183 Tage) die längste Zwischenwurfzeit auf. Den kürzesten Abstand zwischen zwei Würfen (Zahl) zeigten die Genotypen PiDu-PiHa und Pi-LB (<150 Tage), welche sich aber nicht wesentlich vom Großteil der anderen Muttergenotypen unterschieden. Bei den Vatergenotypen ist für DuSH-SH und Du-SH mit der höchsten und bei Ib mit der kürzesten Zwischenwurfzeit zu rechnen. Diese Ergebnisse sind zum Teil vom Besamungsmanagement beeinflusst, da z.B. die Eber (Vatergenotypen) aus dem LVG-Bestand wie DuSH-SH und Du-SH im Natursprung nicht in jedem Fall für die erste Belegung eingesetzt wurden, sondern erst nach dem ersten oder zweiten Umrauschen. Obwohl die Anzahl der Besamungen im statistischen Modell berücksichtigt wurde, können die Ergebnisse speziell für einige Vatergenotypen mit niedriger Probandenzahl verzerrt sein.

Die höchste Zahl lebend geborener und somit auch aufgezogener Ferkel erzeugte eine Sau vom Genotyp LB-WSDu (kleinste Quadrate Mittelwert für LGF = 12,57). Die niedrigsten Ergebnisse bei diesen Parametern erzielten die Kreuzungskombination WSDu, WSDu-Ib, DuSH-SH und die Ib-Sauen. Bei den Vatergenotypen wiesen Du-LB und Pi-LB Eber eine hohe Zahl LGF und AUF auf. Die Vatertiere der Rassen Hampshire und Cerdo-Iberico erzielten die niedrigsten Resultate in Hinblick auf die LGF und AUF, ebenso lag bei den Cerdo Iberico Vatertieren die Zahl der erdrückten Tiere

und damit verbunden die Anzahl an Ferkelverlusten am höchsten. Sauen der Rasse Pietrain und Anpaarungen mit Ebern der Kreuzungskombination WS-Du zeigten die längsten Trächtigkeiten. Allerdings unterschied sich auch hier der Großteil der Genotypen nicht signifikant voneinander.

Bei keinem der Parameter konnte eine Abhängigkeit vom MHS-Genotyp und von der Anzahl der Besamungen (mit Ausnahme der Zwischenwurfzeit) nachgewiesen werden.

Als problematisch stellte sich die zum Teil geringe Tierzahl der einzelnen Genotypen dar. Im Rahmen der Varianzanalyse konnte zwar ein statistisch signifikanter Effekt des Muttergenotyps und zum Teil des Vatergenotyps auf die untersuchten Variablen nachgewiesen werden, der biologische und züchterische Stellenwert bei einigen Parametern ist jedoch fraglich.

Die Studie bestätigte, im Hinblick auf die Muttergenotypen, die gute Fruchtbarkeits- und Aufzuchtleistung der konventionellen Schweinerassen Deutsches Edelschwein und Deutsche Landrasse sowie speziell deren Kreuzungsgenotyp (DL-DE) - basierend auf dem zu erwartenden positiven Heterosiseffekt in der Höhe von 7 % für Anzahl aufgezogener Ferkel. Die Sattelschweinrasse Schwäbisch Hällisches Landschwein unterschied sich in den Fruchtbarkeitsmerkmalen nicht signifikant von DL und DE. Es konnte außerdem gezeigt werden, dass eine Kombination insbesondere von Duroc mit Large Black im Vergleich zu den Ausgangsrassen hohe Fruchtbarkeits- und Aufzuchtergebnisse erwarten lässt. Der positive Heterosiseffekt für die Anzahl aufgezogener Ferkel erreichte für die F1-Kreuzungssauen Du-LB eine unerwartet hohe Ausprägung von 22 %. Die reinrassigen LB-, Du- und insbesondere die Ib-Sauen erzielten hingegen eher unterdurchschnittliche Fruchtbarkeitsleistungen, zum Teil in Kombination mit höheren Fer-

kelverlusten. Die Vatterassen Pietrain und Hampshire zeigten erwartungsgemäß in den meisten Fällen eine mittlere Leistung bei den Fruchtbarkeitsparametern.

7. Summary

Due to its significant role regarding profitability of piglet producing businesses, this thesis reflects the importance of sow fertility and shows ways to influence and improve it.

Aim of this study is to examine if breed or crossbred genotype of female and male parent animals of a litter influence various fertility parameters.

The available data were recorded between September 1994 and March 2014 at the Livestock Center Oberschleissheim (Veterinary Faculty, Ludwig-Maximilians-University Munich, Bavaria, Germany).

A number of 2932 litters of 845 sows mated with 626 boars were included in the analysis.

The mother genotypes were composed of purebred pigs (German Edelschwein -DE, German Landrasse - DL, Duroc - Du, Pietrain - Pi, Hampshire - HA, Large Black - LB, Cerdo Iberico - Ib, Schwäbisch Hall - SH and their various crossbreds including crossbreds with wild boar (WS).

Female pigs were kept in a three week in-and-out production rhythm and a suckling period of 28 days. All sows were part of a particular fertility management programme.

The variables studied include farrowing interval, number of piglets born alive (LGF), number of piglets weaned (AUF), number of weaned female (AWF) and weaned male piglets (AMF), piglet losses, crushed-to-death-piglets, and gestation period. The effects of parameters like number of parity, MHS genotype of the sows and the number of inseminations were further part of this examination. A dependence of female genotype, num-

ber of parity as well as an influence through the male genotype could be shown for the majority of the fertility traits.

A maximum of 200 days as highest average value (Least Squares Mean) considering the farrowing interval reached a female crossbred PiIb-PiIb.

The shortest interval between two litters showed female genotype PiDu-PiHa, although it was not significantly different from the majority of the other female genotypes studied. Among the sire genotypes, the shortest farrowing interval was calculated for Cerdo Iberico (Ib) and the longest one for crossbred DuSH-SH and Du-SH. Though, this outcome is partly affected by the fertility management program. The highest number of piglets born alive and piglets weaned reached the mother genotype LB-WSDu (Least Squares Mean for LGF = 12,57) and the lowest number of LGF and AUF showed crossbred mother genotypes WSDu, WSDu-Ib, DuSH-SH, and Ib, confirming especially the lower fertility of pigs with Cerdo Iberico and - expectedly - 50 % wild boar origin. The female F1 crossbred genotype of Duroc and Large Black promises a positive heterosis effect for the fertility traits (e.g. for number of piglets weaned = 22%).

Among male genotypes, Du-LB and Pi-LB showed a high number of LGF and AUF. The lowest fertility results yielded matings with Hampshire and Cerdo Iberico boars. Piglet losses (crushed to death) showed also highest values for (purebred) matings with Cerdo Iberico.

Considering the lengths of pregnancy, the highest results were achieved by sows of the breed Pietrain and boars of crossbred WS-Du, although the majority of genotypes were not significantly different.

MHS genotype and number of fertilizations did not significantly affect the fertility and weaning results in the litters studied. The partly small number

of animals within the studied genotypes caused some disadvantages for the statistical analysis and the repeatability of the results. The advantage of this study, however, is the comparison of various genotypes within one farm environment.

The study approved - on the mother genotype side - the good fertility and weaning performance of the conventional pig breeds German Edelschwein, German Landrace, and their crossbred genotype (DL-DE) based on the expected heterosis effect (for AUF = 7%). The saddleback breed Schwäbisch Hall does not differ significantly from DE and DL. It could also be shown that a combination of Duroc with Large Black would yield high fertility and weaning results, while pure Large Black, Duroc and especially Cerdo Iberico would cause a lower fertility partly combined with higher piglet losses. The sire breeds Pietrain and Hampshire showed in most cases - as expected - a medium fertility.

8. Literaturübersicht

agrarheute (2014)

<http://www.agrarheute.com/news/gefaehrdete-schweinerassen-deutschland> (zuletzt besucht: 14.12.2015)

Andersen, I.L., Haukvik, I.A., Boe, K.E. (2009)

„Drying and warming immediately after birth may reduce piglet mortality in loose-housed sows“. *Animal*, 3:4, pp 592–597. The Animal Consortium

Aparicio-Tovar, M. A., Vargas-Giraldo, J.D. (2006)

“Considerations on ethics and animal welfare in extensive pig production: Breeding and fattening Iberian pigs“. *Livestock Science* 103(3), 237-242

Aumüller, R. (2000)

„Anatomie und Physiologie – So funktioniert die Fruchtbarkeit“. Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall.“ top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457. S. 22

Barbosa, L., Lopes, P.S., Regazzi, A.J., de Almeida Torres, R., Santana Júnior, M.L., Veroneze, R. (2010)

“Estimation of variance components, genetic parameters and genetic trends for litter size of swines“. *R. Bras. Zootec.* 39(10), 2155-2159

Berger, F., Dagorn, J., Le Denmat, M., Quillien, J.P., Vaudelet, J.C., Signoret, J.P. (1997)

"Perinatal losses in outdoor pig breeding. A survey of factors influencing piglet mortality". Annales de zootechnie, 46(4), 321-329.

Bickhardt, K. (2004)

„Muskelerkrankungen“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten.“ Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5

Boettcher, H. (2006)

„40 Jahre Cornwallzucht in Thüringen (1925 – 1965)“. 11. Geschichtsheft der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft Jena. Schriftenreihe „Landwirtschaft und Landschaftspflege in Thüringen.“ Heft 14/2006. www.mszy.de/sp/archiv/boe-Cornwallzucht.pdf

Bolet, G., Bidanel, J.-P., Ollivier, L. (2001)

"Selection for litter size in pigs. II. Efficiency of closed and open selection lines". Genet. Sel. Evol. 33, 515 - 528

Bostedt, H. (1995)

„Fruchtbarkeitskontrolle beim Schwein“. Aus: „Fruchtbarkeitskontrolle bei Groß- und Kleintieren.“ Busch, W., K. Zerobin. Gustav Fischer Verlag. ISBN 3-334-60971-5.

Boyd, R.D., Touchette, K.J., Castro, G.C., Johnston, M.E., K.U. Lee, Han, I.K. (2000)

“Recent advances in amino acid and energy nutrition of prolific sows - review”. J. Anim. Sci. 13(11), 1638-1652

Bösch, M., Röhe, R., Looft, H., Kalm, E. (1999)

„Die Selektion auf Wurfgröße beim Schwein“. Archiv für Tierzucht, (Dummerstorf) 42 (6), 555-570

Bostedt, H., Wehrend, A. (2013)

„Untersuchungsmethoden bei weiblichen Großtieren“. Aus: Klinische Labordiagnostik in der Tiermedizin. Moritz, A., W. Kraft, U. Dürr. Schattauer Verlag. ISBN-10: 3794527372. S. 520

Brandt, H., Henne, H., Friedrichs, M. (2014)

“Genetic Parameter for Litter Quality Traits. Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production” Vancouver, Canada; https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-proceedings-oral/378_paper_9070_manuscript_398_0.pdf

<https://asas.org/wcgalp-proceedings/species-breeding-swine> (zuletzt besucht: 15.02.2016)

Brandt, H. (2014)

„Züchterische Ansätze in Hinblick auf Wurfqualität“. Aus: 20. Mitteldeutscher Schweineworkshop – wissenschaftliche Beiträge. Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 27-31

Brüninghoff, J. (2004)

„Trächtigkeitskontrolle.“ Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall“. top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457, S. 52

Brüssow, K.-P., Wähner, M. (2008)

„Biologische Potentiale in der Sauenfruchtbarkeit“. Züchtungskunde, 80, (5) S. 370 – 377

Bühler, R. (1998)

„Das Schwäbisch- Hällische Landschwein – Die älteste und traditionsreichste Schweinerasse Deutschlands“. Sonderdruck aus „Der goldene Pflug“ Nr. 9, Universität Hohenheim

Busch, W., Waberski, D. (2007)

„Entwicklung der künstlichen Besamung“. Aus: „Künstliche Besamung bei Haus- und Nutztieren“. Busch, W., D. Waberski. Schattauer GmbH Stuttgart. ISBN 978-3794524105 S. 1- 3

Bywater, K.A., Appolonio, M., Cappai, N., Stephens, P.A. (2010)

"Litter size and latitude in a large mammal: the wild boar *Sus scrofa*". *Mammal Review*, 40(3), 212 - 220

Cassady, J.P., Young, L.D., Leymaster, K.A. (2002)

"Heterosis and recombination effects on pig reproductive traits". *J. Anim. Sci.*, 80, 2303-2315

Close, W.H. (2010)

"Mineral nutrition of hyperprolific sows". *Memorias del X Congreso Nacional de Producción Porcina*, Mendoza, Argentina, 135-143

Cortinovis, C., Pizzo, F., Spicer, L.J., Caloni, F. (2011)

"Fusarium mycotoxins: Effects on reproductive function in domestic animals: a review". *Animal Reproduction Science* 124, 251-258

Culbertson, M. (2012)

"Genetic Improvement in the Future - PIC.", PIC's 50th Anniversary Symposium, May 7 - 10, Nashville, TN, USA.

<http://www.video.pic.com/video/dr-matt-culbertson-genetic-improvement-future> (zuletzt besucht 08.01.2016)

Daza, A., Olivares, A., Rey, A.I., Ruiz, J., López-Bote, C.J. (2008)

„Iberian pig production: the problems of success“. In: Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens (Editors: Olaizola, A., Boutonnet, J.P., Bernués, A.) n. 78, S.163 – 171

Daniel Givens, M., Marley, M.S.D. (2008)

“Infectious causes of embryonic and fetal mortality“. Theriogenology 70, 270–285

Dijkhuizen, A.A. (1989)

“Economic aspects of common health and fertility problems for the individual pig producer: An overview“. Veterinary Quarterly 11:2, 116-124

Ding, N.S., Mao, H.R., Guo, Y.M., Ren, J., Xiao, S.J., Wu, G.Z., Shen, H.Q., Wu, L.H., Ruan, G.F., Brenig, B., Huang, L.S. (2009)

"A genome-wide scan reveals candidate susceptibility loci for pig hernias in an intercross between White Duroc and Erhualian". J. Anim. Sci. 87, 2469–2474

Dohner, J.V. (2001)

“Breed Profiles Large Black (pl. 56)“. In: The Encyclopedia of Historic and Endangered Livestock and Poultry Breeds. (Series Editor: James C. Scott) Yale Agrarian Studies Series, Yale University Press, New Haven, London, 189-190

Douglas, S.L., Szyszka, O., Stoddart, K., Edwards, S.A., Kyriazakis, I. (2014)

"A meta-analysis to identify animal and management factors influencing gestating sow efficiency". J. Anim. Sci. 92, 5716-5726

Fangman, T.J., Tubbs, R.C. (1997)

"Segregated early weaning". Swine Health and Production 5(5), 195-198

Feuker, W., Henze, A. (1982)

„Dokumentation und Auswertung der Fortpflanzungsergebnisse“. Aus: „Fortpflanzung bei Schweinen.“ König, I. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag Berlin. Lizenznummer 101-175/35/82

Frantz, L.A.F., Schraiber, J.G., Madsen, O., Megens, H.-J., Cagan, A., Bosse, M., Paudel, V., Crooijmans, R.P.M.A., Larson, G., Groenen, M.A.M. (2015)

"Evidence of long-term gene flow and selection during domestication from analyses of Eurasian wild and domestic pig genomes". Nature Genetics, 47(10), 1141-1149

Freitag, M., Wicke, C. (2003)

„Lohnt sich das Frühabsetzen“. top agrar 10/2003: S. 16-19

Freyer, G, Mayer, M. (2012)

„Züchterische Analyse ausgewählter Fruchtbarkeitsmerkmale bei Landrasse und Edelschwein sowie deren Kreuzungen auf der Basis von Daten aus dem Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V.“. Züchtungskunde, 84 (6), 500–510

Gäde, S., Bennewitz, J., Kalm, E., Kirchner, K., Looft, H. (2005)

„Zucht auf Mütterlichkeit: Was ist möglich?“ SUS- Schweinezucht und Schweinemast 5

Geisert, R.D., Schmitt, R.A.M. (2002)

“Early embryonic survival in the pig: Can it be improved?”. J. Anim. Sci. 80(E. Suppl. 1), E54–E65

Gernand, E., Müller, U., Mäurer, H., Müller, S., Bergfeld, U. (2010)

"Optimierung der Zuchtwertschätzung für lebend geborene Ferkel hinsichtlich Wurfnummerdifferenzierung und Herdensaison". Züchtungskunde, 82(3), 205–216

Gómez-Carballar, F., Lara, L., Nieto, R., Aquilera, J.F. (2013)

„Effect of increasing lysine supply during last third of gestation on reproductive performance of Iberian sows“. Spanish Journal of Agricultural Research 11(3): 798-807

Hallfahrt, G. (2006)

„Stand und Perspektiven der Selektion auf Reproduktionsleistungen der Mutterrassen der mitteldeutschen Sauenlinien“. Aus: „12. Mitteldeutscher Schweineworkshop - Tagungsband.“ Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 23-28

Heggemann, R. (2004)

„SEW – Segregated early Weaning“. Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall.“ top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457. S. 72

Heinze, A. (2010)

„Fruchtbar trotz Sommerhitze“.

<http://www.tll.de/ainfo/pdf/somm0810.pdf>

<http://www.thueringen.de/th9/tll/tierproduktion/schweine/ainfo/index.aspx> (zuletzt besucht am 15.02.2016)

Henry, V. (1968)

„Length of estrous cycle and gestation in European wild hogs“. The Journal of Wildlife Management, Vol. 32, No. 2 (Apr.), pp. 406-408

Hernandez, S.C.; Finlayson, H.A., Ashworth, C.J., Haley, C.S., Archibald, A.L. (2014)

„A genome-wide linkage analysis for reproductive traits in F2 Large White x Meishan cross gilts“. Animal Genetics 45, 191–197.

Herzog, S., Guggisberg, P. (2011)

„Der kleine Unterschied“. UFA REVUE 9, S. 78

Heusing, M., Hamann, H., Distl, O. (2005)

„Genetische Analyse von Lebensleistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmalen bei Sauen der Rassen Deutsches Edelschwein, Deutsche Landrasse und Pietrain“. Züchtungskunde, 77 (1), S. 15 – 34.

Hilgers, J., Hühn, U. (2008)

„Sauen auf gute Fundamente züchten“. DLZ- Agrarmagazin 12: S. 105 - 109

Hilgers, J., Hühn, U. (2013)

„Einfluss der Wurfnummer“. DGS Magazin (18): S. 38-42.

Hoffschulte, H., Scholz, A.M. (2006)

„Beziehung zwischen mittels Dualenergie-Röntgenabsorptiometrie bestimmter Körperzusammensetzung und Fruchtbarkeit von Jungsaugen“. Arch. Tierz., Dummerstorf 49 (6), S. 561-574.

Holzheu, M. (2014)

„Hitzestress bei Schweinen“. <http://www.raumberg-gumpenstein.at/cm4/de/forschung/publikationen/downloadsveranstaltungen/finish/1905-nutztierschutztagung-2014/16751-hitzestress-bei-schweinen-tiergesundheitsliche-aspekte-vortrag.html>.

<http://www.raumberg-gumpenstein.at/cm4/de/forschung/publikationen/downloadsveranstaltungen/viewcategory/1905-nutztierschutztagung-2014.html>

(zuletzt besucht am 15.02.2016)

Horst, P., Gregor, G. (1997)

„Spezielle Tierzucht: Schweine“. Aus: „Tierzucht und Allgemeine Landwirtschaftslehre für Tiermediziner.“ Kräußlich, H., G. Brem. Ferdinand Enke Verlag. ISBN 3-432-26621-9.

Hortmann- Scholten, A. (2012)

„Markt für Ferkel“. Aus: „Schweinezucht und Ferkelerzeugung“. Hoy, Steffen. Eugen Ulmer KG. ISBN 978-3800177844. S. 6-14

Hoy, S. (2012)

„Managementmaßnahmen“. Aus: „Schweinezucht und Ferkelerzeugung“. Hoy, Steffen. Eugen Ulmer KG. ISBN 978-3800177844. S. 187- 192

Hoy, S. (2013)

„FERKELERZEUGUNG UND SCHWEINEMAST - Hohe biologische Leistungen und Tierschutz sind kein Widerspruch“. NUTZTIERPRAXIS AKTUELL, 45, 14-18

Hoy, S. (2015)

„Hohe Wurfgrößen und was tun?“. Erfolg im Stall - Schweine, 54(1), 4-5

Hörügel, K. (2004)

Gesunderhaltung der Nutztierbestände: „Die Geburtsmasse des Ferkels – ein wichtiger Einflussfaktor auf die Gesundheit und Leistung der Schweine“. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft. Heft 1 – 9. S. 5- 11

Hörügel, K., Müller, U., Bergfeld, U., Hallfarth, G., Eckert, S., Siegl, O., Uhlemann, J. (1994)

„Beziehungen zwischen dem MHS-Status und den Fruchtbarkeits- und Wurfleistungen bei Sauen“. Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft. ISSN 0949-1597

Hühn, U. (2002)

„So lässt sich das „Sommerloch“ der Sauenfruchtbarkeit überwinden“. Top- Genetik 05,: S. 32- 35

Hühn, U. (2004a)

„Auf das „Sommerloch“ rechtzeitig reagieren“. DLZ Agrarmagazin (07): S. 92- 97

Hühn, U. (2004b)

„Wann Ferkel absetzen?“ Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall.“ top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457. S. 76- 80

IMS (Instructional Materials Service, 2001)

<http://schools.birdville.k12.tx.us/cms/lib2/TX01000797/Centricity/Domain/1126/Pig%20Breeds.pdf> (zuletzt besucht: 07.01.2016)

Kanora, A., Maes, D. (2009)

“The role of mycotoxins in pig reproduction: a review”. Veterinarni Medicina, 54 (12), 565–576

Kim, S.W., Weaver, A.C., Shen, Y.B. Zhao, Y. (2013)

“Improving efficiency of sow productivity: nutrition and health”. Journal of Animal Science and Biotechnology 4, 26

Knol, E.F., Leehouwers, J.I., van der Lende, T. (2002)

„Genetic aspects of piglet survival“. Livestock Production Science 78: 47–55

Knox, R.V. (2005)

„Recruitment and selection of ovarian follicles for determination of ovulation rate in the pig “. Domestic Animal Endocrinology, 29, 385–397

Köck, A., Baumung, R., Fürst- Waltl, B. (2009)

„Einfluss des Belegebers auf die Wurfgröße und Auswirkung der zusätzlichen Berücksichtigung von Inzucht auf die Heritabilitätsschätzung bei Edelschwein und Landrasse“. Züchtungskunde, 81, (2) S. 77–85.

Kraeling, R.R., Webel, S.K. (2015)

“Current strategies for reproductive management of gilts and sows in North America”. Journal of Animal Science and Biotechnology 6:3

Krause-Kyora, B., Makarewicz, C., Evin, A., Girdland Flink, L., Dobney, K., Larson, G., Hartz, S., Schreiber, St., von Carnap-Bornheim, C., von Wurmb-Schwark, N., Nebel, A. (2013)

"Use of domesticated pigs by Mesolithic hunter-gatherers in north-western Europe". NATURE COMMUNICATIONS, 4:2348, DOI: 10.1038/ncomms3348

Lawlor, P.G., Lynch, P.B. (2007)

“A review of factors influencing litter size in Irish sows”. Irish Veterinary Journal, 60(6), 359-366

Leenhouwers, J.I., Merks, J.W.M. (2013)

“Suitability of traditional and conventional pig breeds in organic and low-input production systems in Europe: Survey results and a review of literature”. Animal Genetic Resources, 53, 169-184

Lillehammer, M., Meuwissen, T.H.E., Sonesson, A.K. (2011)

“Genomic selection for maternal traits in pigs”. J. Anim. Sci., 89, 3908–3916

Lillehammer, M., Meuwissen, T.H.E., Sonesson, A.K. (2013)

“Genomic selection for two traits in a maternal pig breeding scheme”. J. Anim. Sci., 91, 3079–3087

Large Black Pig Breeders Club (2013)

<http://www.largeblackpigs.org.uk/#!breed-standard/cwjj>

(zuletzt besucht: 14.12.2015)

Littmann, E., Götz, K.-U., Dodenhoff, J. (2006)

“Schweinezucht und Schweineproduktion”. Schriftenreihe der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft. ISSN 1611-4159

López- Bote, C.J. (1998)

„Sustained Utilization of the Iberian Pig Breed”. Meat Science, (49), Suppl. I, S. 17 - S. 27

Maak, S., Boettcher, D., Tetens, J., Wensch-Dorendorf, M., Nürnberg, G., Wimmers, K., Swalve, H.H., Thaller, G. (2009)

“Identification of candidate genes for congenital splay leg in piglets by alternative analysis of DNA microarray data”. International Journal of Biological Sciences, 5(4), 331-337

Matousek, V., Kernerová, N., Vrtková, I., Králová, P. (2002)

„The influence of RYR1 and ESR Genotypes on fertility“. Ann. Anim. Sci. Suppl., No. 2, 57- 61

Meyer, E., Müller, K. (2006)

"Stalling-up and piglet losses". Landtechnik 61(2), 98-99

Meyer, H., Coenen, M. (1995)

„Allgemeine Ursachen für Fruchtbarkeitsstörungen“. Aus: „Fruchtbarkeitskontrolle bei Groß- und Kleintieren.“ Busch, W., K. Zerobin. Gustav Fischer Verlag. ISBN 3-334-60971-5.

Meyn, K. (2005)

„Entwicklung, Stand und Perspektiven der Rinder- und Schweineproduktion“. Züchtungskunde, 77(6), S. 478 – 489

Meynhardt, H. (1990)

„Schwarzwild- Report. Mein Leben unter Wildschweinen“. Neumann Verlag. ISBN 978-37402008001

Mikami, H., Fredeen, H.T. (1979)

"A genetic study of cryptorchidism and scrotal hernia in pigs". Can J Genet Cytol. 21, 9-19.

Mitchell, A.D., Ramsay, T.G., Scholz, A.M. (2012a)

“Measurement of changes in body composition of piglets from birth to 4 kg using quantitative magnetic resonance (QMR)”. Archiv Tierzucht, 55(1), S. 64-71.

Mitchell, A.D., Ramsay, T.G., Caperna, T.J., Scholz, A.M. (2012b)

“Body composition of piglets exhibiting different growth rates”. Archiv Tierzucht, 55(4), S. 356-363

Müller, S. (2007)

„Möglichkeiten zur markergestützten Selektion auf Fruchtbarkeit“. Thüringer Ministerium für Landwirtschaft, Naturschutz und Umwelt. Eigenverlag
Themenblatt-Nr.45.22.520. www.tll.de/ainfo/pdf/sela0708.pdf

Müller, U., Geschwender, F. (2007)

„Zuchtwertschätzung Schwein“. Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
<https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/15282/documents/18493>

Münster, A., Henze, C., Krieter, J. (2008)

„Einfluss von Prostaglandin F2 alpha (PGF 2 alpha in Form von Dinolytic®) auf die Motilität von Eberspermatozoen unter Berücksichtigung des MHS-Genstatus der Probanden“. Züchtungskunde, 80(4), S. 279– 290

National Swine Registry (2013)

http://nationalswine.com/about/about_breeds/Hampshire.php

(zuletzt besucht: 14.12.2015)

Neerhof, A. (2014)

„Zielstellung: 3,- Euro Zuchtfortschritt im Jahr! Anforderungen an den genetischen Nucleus!“. Aus: 20. Mitteldeutscher Schweineworkshop – wissenschaftliche Beiträge. Hochschule Anhalt, S. 41-44

Norris, D., Varona, L., Visser, D.P., Theron, H.E., Voordewind, S.F., Nesamvuni, E.A. (2006)

„Estimation of the additive and dominance variances in South African Landrace pigs“. South African Journal of Animal Science, 36 (4)

Omelka, R., Peskovicová, D., Martiniaková, M., Bauer, M., Bauerová, M. (2006)

„Effect of the estrogen receptor (*ESR*) and ryanodine receptor (*RYR1*) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs“. Arch. Tierz., Dummerstorf 49 4, 357-362

Pabst, T. (2013)

„Harnwegsinfekte: Gift für die Fruchtbarkeit“. top agrar 4: S. 28- 31

Papatsiros, V.G. (2012)

“The Splay Leg Syndrome in Piglets: A Review“. American Journal of Animal and Veterinary Sciences, 7(2), 80-83

Plonait, H. (2004a)

„Fortpflanzungsphysiologie und Gynäkologie der Sau“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten.“ Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5, S. 399- 470

Plonait, H. (2004b)

„Geburt, Puerperium und perinatale Verluste“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten.“ Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5, S. 471- 511

Plonait, H. (2004c)

„Erkrankungen und Operationen an den Fortpflanzungsorganen des Ebers“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten.“ Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5, S. 536- 537

Rare Breeds Survival Trust (2015)

<http://www.rbst.org.uk/Rare-and-Native-Breeds/Pigs/Large-Black>

(zuletzt besucht: 14.12.2015)

Reiner, G. (2006)

„Genetische Aspekte der Fruchtbarkeit beim Schwein“. Tierärztliche Praxis; 34: S. 171- 178

Ritze, W. (1971)

„Schweine. Zucht – Haltung – Fütterung“. Ritze, Werner. VEB Deutscher Landwirtschaftsverlag Berlin. Lizenznummer: 101-175/94/71
153

Rothhammer, S., Kremer, P.V., Bernau, M., Fernandez-Figares, I., Pfister-Schär, J., Medugorac, I., Scholz, A.M. (2014)

"Genome-wide QTL-mapping of nine body composition and bone mineral density traits in pigs". Genetics Selection Evolution, 46:68

Roy, B., Kumar, A., Lakhani, G.P., Jain, A. (2014)

"Causes of pre-weaning pig mortality in India". Scholarly Journal of Agricultural Science, 4(9), 485-493

Röhe, R., Kalm, E. (2004)

„Ansätze zur Verbesserung der Überlebensrate von Ferkeln". Anim. Sci., 70, 227 – 240

Sambraus, H. (2001)

„Farbatlas Nutztierassen". Sambraus, H. Eugen Ulmer Verlag GmbH & Co. 2001. ISBN 3-8001-3219-2

Schmidt, J., Kliesch, J., Goettler, V. (1956)

„Lehrbuch der Schweinezucht". Schmidt, J., J. Kliesch, V. Goerttler. Parey Verlag, Berlin. 3. neubearb. Auflage

Scholz, A.M., Mitchell, A.D., Wang, P.C., Song, H., Yan, Z. (1995)

"Muscle metabolism and body composition of pigs with different ryanodine receptor genotypes studied by means of ³¹P nuclear magnetic resonance spectroscopy and ¹H magnetic resonance imaging". Arch. Tierzucht (Dummerstorf), 38, 539-552

Sevillano, C.A., Lopes, M.S., Harlizius, B., Hanenberg E.H.A.T., Knol, E.F., Bastiaansen, J.W.M. (2015)

"Genome-wide association study using deregressed breeding values for cryptorchidism and scrotal/inguinal hernia in two pig lines". Genetics Selection Evolution, 47:18, 1-8

Silva, P.V., Guimarães, S.E.F., Guimarães, J.D., Nascimento, C.S., Lopes, P.S., Siqueira, J.B., Amorim, L.S., Fonseca e Silva, F., Foxcroft, G.R. (2013)

"Follicular dynamics and gene expression in granulosa cells, corpora lutea and oocytes from gilts of breeds with low and high ovulation rates". Reproduction, Fertility and Development 26(2), 316-327

Shankar, B.P., Madhusudhan, H.S., Harish, D.B. (2009)

"Pre-Weaning Mortality in Pig - Causes and Management". Veterinary World, Vol.2(6), 236-239

Soede, N.M., Langendijk, P., Kemp, B. (2011)

"Reproductive cycles in pigs". Animal Reproduction Science, 124, 251-258

Strack, K.E. (2005)

„Schweineproduktion“. Aus: „Tierproduktion“. Weiß, J., W. Pabst, K.E. Strack, S. Granz. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4140-1

Statistisches Bundesamt (2016)

<https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaftFischerei/TiereundtierischeErzeugung/Tabellen/BetriebeSchweineBestand.html> (zuletzt besucht 08.01.2016)

SUISAG (2014)

<https://www.suisag.ch/Zucht/Rassen/tabid/90/Default.aspx>

(zuletzt besucht: 14.12.2015)

Swinbourne, A.M., Kelly, J.M., Kind, K.L., Kennaway, D.J., van Wettere, W.H.E.J. (2014)

“The effects of season and moderate nutritional restriction on ovarian function and oocyte nuclear maturation in cycling gilts”. Theriogenology, 82, 1303–1309

Täubert, H., Henne, H. (2003)

"Große Würfe und wenig Ferkelverluste – ein erreichbares Zuchtziel beim Schwein? Züchtungskunde, 75(6), 442– 451

Tierzuchtreport Berichtsjahr 2013 (2014)

Herausgeber: Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung (LELF), Müllroser Chaussee 54, 15236 Frankfurt (Oder)

The Pig Site (2015)

<http://www.thepigsite.com/focus/advertiser/3660/the-different-breeds-of-swine-large-black-large-black-pig-breed-large-black-gilts-sows-and-boars>

(zuletzt besucht: 14.12.2015)

Tholen, E., K. Bunter, S. Hermes, H.-U. Graser (1995)

„The Genetic Foundation of Fitness and Reproduction Traits in Australian Pig Populations“. AGBU Pig Genetics Workshop. http://webcache.googleusercontent.com/search?q=cache:RDKM52kST0AJ:agbu.une.edu.au/pig_genetics/pdf/1995/Paper%25209_Genetic%2520foundation_Tholen_1995.pdf+&cd=1&hl=de&ct=clnk&gl=d e

Thorup, F. (2013)

„Physiologische und managementbedingte Einflüsse auf die Länge der Trächtigkeit“. Aus: 19. Mitteldeutscher Schweine- Workshop – wissenschaftliche Beiträge“. Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 25-28

Trümpler, S., Pille, A., Wähner, M., Bremer, W., Sendig, W., Van Arsten, H. (2007)

„Beziehungen zwischen der Geburtsmasse von Ferkeln und den Ergebnissen der Aufzucht und der Schweinemast“. Aus: 13. Mitteldeutscher Schweine-Workshop– wissenschaftliche Beiträge“. Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 85-94.

Tuchscherer, M., Puppe, B., Tuchscherer, A.; Tiemann, U. (2000)

“Early identification of neonates at risk: Traits of newborn piglets with respect to survival“. Theriogenology, 54, S. 371-388

Uecker, E. (2004)

„Erkrankungen im Saugferkelalter“. In: „Tiergesundheits- und Tierkrankheitslehre“. Busch, W., W. Methling, W. Amselgruber. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304- 4092- 8, S. 537- 542

Vallet, J.L., Leymaster, K.A., Christenson, R.K. (2002)

“The influence of uterine function on embryonic and fetal survival“. J. Anim. Sci., 80 (E. Suppl. 2), E115–E125

Van der Lende, T., van Rens, B.T.T.M., Leenhouwers, J.I. (2000)

“Biological and genetic aspects of pre- and perinatal mortality in swine“. 5º Seminário Internacional de Suinocultura, 27 e 28 de setembro de 2000 — Expo Center Norte, SP

Veeroja, R., Männil, P. (2014)

“Population Development and Reproduction of Wild Boar (*Sus scrofa*) in Estonia”. *Wildl. Biol. Pract.*, 10(3), 17-21

Visscher, P.M., Hill, W.G., Wray, N.R. (2008)

“Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions”. *Nature Reviews Genetics* 9, 255-266

Waldmann, K.-H., Plonait, H. (2004)

„Erkrankungen der Verdauungsorgane und des Abdomens“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten“. Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5, S. 314- 323

Walters, J.R. (2010)

“Have we forgotten about inherited disease?”. AGBU Pig Genetics Workshop –October 27-28, Armidale, AUS, 79-86
http://agbu.une.edu.au/pig_genetics/workshop2010.html (zuletzt besucht 08.01.2016)

Walters, R. (2012)

“Genetic analyses of traditional breeds – the British experience”. AGBU Pig Genetics Workshop -October 24-25, Armidale, AUS, 73-87
http://agbu.une.edu.au/pig_genetics/workshop2012.html

Wähner, M. (2006)

„Fortpflanzung als Ausdruck der Tiergesundheit“. Aus: 12. Mitteldeutscher Schweineworkshop – wissenschaftliche Beiträge. Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 9-21

Wähner, M. (2007)

„Die Anzahl Ferkel je Sau und Jahr als Teil der Gesamtleistung in der Schweineproduktion“. Aus: 13. Mitteldeutscher Schweineworkshop – wissenschaftliche Beiträge. Hochschule Anhalt in Bernburg, S. 7-16

Wähner, M. (2012)

„Zucht- und Produktionsziele in der Schweinezucht“. Aus: „Schweinezucht und Ferkelerzeugung“. Hoy, Steffen. Eugen Ulmer KG. ISBN 978-3800177844

Wähner, M., Müller, C. (2008)

„Analyse ausgewählter Einflussfaktoren auf das Befruchtungsergebnis bei der Besamung von Sauengruppen“. Aus: 14. Mitteldeutscher Schweineworkshop – wissenschaftliche Beiträge. Hochschule Anhalt in Bernburg, 64-74

Wähner, M., Hoy, S. (2009)

„Taschenbuch Schwein. Schweinezucht und -mast von A-Z“. Eugen Ullmer KG. ISBN 978-3-8001-5721-1

Wähner, M., Hühn, U., Kleine Klausing, H., Riewenherm, G., Hellwig, E.G. (2012)

„Kennzahlen und Begriffe für die Fruchtbarkeit und Fortpflanzungsleistung von Sauen“. Sauenfruchtbarkeit in der Ferkelerzeugung – Ein Update. AVA Agrar- und Veterinär- Akademie. ISBN 978-3-00-039460-7

Weber, R., Keil, N., Fehr, M., Horat R. (2006)

„Ferkelverluste in Abferkelbuchten“. FAT- Berichte Nr. 656. ISSN 1018- 502X.

Weiler, U. (2011)

„Umwelteinflüsse auf die Fruchtbarkeit beim Wildschwein“. http://www.researchgate.net/publication/233759637_Umwelteinfluss_e_auf_die_Fruchtbarkeit_beim_Wildschwein

Wendt, M. (2000)

„Umrauschraten“. Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall.“ top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457. S. 100- 104

Wendt, M., Bickhardt, K. (2004)

„Erkrankungen und Störungen des Zentralnervensystems“. Aus: „Lehrbuch der Schweinekrankheiten.“ Waldmann, K.-H., M. Wendt. Parey Verlag Stuttgart. ISBN 3-8304-4104-5, S. 203- 204

Wiedemann, S, Fries, R., Thaller, G. (2005)

"Genomewide Scan for Anal Atresia in Swine Identifies Linkage and Association with a Chromosome Region on *Sus scrofa* Chromosome 1". Genetics 171, 1207–1217

Wiesner E., Ribbeck, R. (1983)

„Wörterbuch der Veterinärmedizin A-K.“ Wiesner, E., R. Ribbeck. VEB Gustav Fischer Verlag Jena. Lizenznummer 261 700/152/83

Wilkes, H. (2000)

„Jungsaueneingliederung“. Aus: „Fruchtbarkeit im Sauenstall.“ top agrar – Das Magazin für moderne Landwirtschaft. Landwirtschaftsverlag Münster. ISBN 978-3784330457, S. 69

Wimmers, K. (2007)

"Defektgene beim Schwein: Stand der molekulargenetischen Charakterisierung und Perspektiven". Züchtungskunde, 80(1), 35–42

Wolf, J. (2010)

"Heritabilities and genetic correlations for litter size and semen traits in Czech Large White and Landrace pigs". J. Anim. Sci., 88, 2893–2903

Wood, J. (2014)

Bloodlines. <http://www.largeblackpigs.org.uk/#!bloodlines/cihc> (zuletzt besucht: 27.08.2015)

Wysokińska, A., Kondracki, S. (2013)

„Assessment of the effect of heterosis on semen parameters of two-breed crosses of Duroc, Hampshire and Pietrain boars“. Archiv Tierzucht, 56(7), 65-74

Zelfel, S., Müller, U. (2007)

„Tierzüchterische und wirtschaftliche Bedeutung der künstlichen Besamung“. Aus: „Lehrbuch der künstlichen Besamung bei Haus- und Nutztieren.“ Busch, W., D. Waberski. Schattauer Verlag 2007. ISBN 978 – 3 – 7945 – 2410 – 5, S. 4- 25

Zorn, W., Comberg, G., Richter, K. (1968)

„Schweinezucht“. Zorn, W., G. Comberg, K. Richter. 7. Auflage. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart

Zuchtreport 2012 des Hybridschweinezuchtverbandes Nord/Ost e.V. (2013)

erstellt vom dem Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V., gemeinsam mit dem Schweinekontroll- und Beratungsring Mecklenburg-Vorpommern e.V., <http://www.hszv.de>

9. Anhang

Im folgenden Abschnitt sind die jeweiligen kleinste Quadrate-Mittelwerte, sowie deren Standardschätzfehler der einzelnen Genotypen und Wurfnummer für die untersuchten Variablen tabellarisch aufgelistet. Unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen signifikante Differenzen zwischen den Genotypen ($p \leq 0,05$), z.B.: DE mit Superskripts 'af' ist signifikant verschieden von Ib mit 'bdg' aber nicht von Ha mit 'afg'.

Tab. 5 Ergebnisse der Muttergenotypen Zwischenwurfzeit

Genotyp Muttertier	ZWZ (LSM \pm SEE)
DE	155,35 ^{af} \pm 2,95
DL	155,84 ^{af} \pm 2,83
DL-DE	156,38 ^{af} \pm 2,95
Du	156,38 ^{af} \pm 2,98
Du-LB	155,53 ^{af} \pm 3,12
Du-SH	154,48 ^{af} \pm 3,54
DuSH-SH	152,70 ^{afg} \pm 9,92
Ha	157,33 ^{afg} \pm 3,30
Ib	167,07 ^{bdg} \pm 4,66
LB	156,40 ^{acf} \pm 3,54
LB-PiDuPiHa	155,09 ^{ag} \pm 4,95
LB-SH	154,03 ^{abcef} \pm 8,40

LB-WSDu	167,79 ^{deg} ± 4,77
LB_PiDuPiHa-DuLB	156,38 ^{acef} ± 5,19
Pi	156,87 ^{af} ± 2,79
Pi-DLDE	159,95 ^{abg} ± 4,61
Pi-DU	156,52 ^{acf} ± 3,37
Pi-Ha	158,02 ^{ac} ± 3,10
Pi-Ib	170,74 ^{bd} ± 5,55
Pi-LB	149,80 ^{af} ± 5,57
Pi-SH	153,36 ^{af} ± 4,06
Pi-WSDu_LB	153,01 ^{af} ± 4,09
PiDu-PiHa	145,36 ^f ± 6,39
PiIb-PiIb	200,02 ^h ± 13,31
SH	160,48 ^{gc} ± 3,07
WS-Du	183,88 ^{dh} ± 9,60
WSDu-LB	155,68 ^{acf} ± 4,52

Tab. 6 Ergebnisse Vatergenotyp Zwischenwurfzeit

Genotyp Vatertier	ZWZ (LSM ± SEE)
DE	156,94 ^{ac} ± 3,23
DL	157,38 ^{ac} ± 2,69

Du	158,46 ^{abc} ± 3,31
Du-LB	151,26 ^{ade} ± 6,60
Du-Pi	153,67 ^a ± 3,23
Du-SH	180,27 ^f ± 4,00
DuSH-SH	179,69 ^{cf} ± 13,21
Ha	151,37 ^{ade} ± 5,36
Ib	135,36 ^d ± 8,28
LB	161,84 ^{bce} ± 3,65
LB-PiDuPiHa	158,20 ^{abc} ± 6,41
Pi	157,13 ^{ac} ± 2,62
Pi-Du	158,48 ^{bce} ± 2,95
Pi-Ib	160,69 ^{abc} ± 4,30
Pi-LB	156,44 ^{abcd} ± 7,94
Pi-WSDu_LB	161,53 ^{abc} ± 4,79
SH	156,52 ^{ac} ± 4,00
WS	176,20 ^{bf} ± 9,87
WS-Du	157,62 ^{abc} ± 6,24

Tab. 7 Ergebnisse Muttergenotyp lebend geborene Ferkel (LGF)

Genotyp Muttertier	LGF (LSM \pm SEE)
DE	10,62 ^{ab} \pm 0,67
DL	10,22 ^{afj} \pm 0,61
DL-DE	11,10 ^b \pm 0,65
Du	8,68 ^{ceik} \pm 0,67
Du-LB	10,72 ^{abg} \pm 0,79
Du-SH	9,61 ^{abcegi} \pm 0,95
DuSH-SH	6,81 ^{acd} \pm 2,19
Ha	9,72 ^{acfg} \pm 0,77
Ib	6,85 ^{dk} \pm 0,99
LB	7,84 ^{dek} \pm 0,82
LB-PiDuPiHa	11,08 ^{abcg} \pm 1,57
LB-SH	9,95 ^{abcdg} \pm 1,65
LB-WSDu	12,57 ^{bf} \pm 1,53
LB_PiDuPiHa-DuLB	10,30 ^{abcegi} \pm 1,45
Pi	9,70 ^{gh} \pm 0,59
Pi-DLDE	11,14 ^{abcg} \pm 1,46
Pi-Du	9,15 ^{cehijk} \pm 0,82
Pi-Ha	9,97 ^{abgh} \pm 0,76

Pi-Ib	7,76 ^{cdh} ± 1,29
Pi-LB	9,00 ^{abcdg} ± 1,63
Pi-SH	9,90 ^{abcegi} ± 1,08
Pi-WSDu_LB	10,36 ^{abcg} ± 1,10
PiDu-PiHa	10,00 ^{abcdg} ± 1,70
PiIb-PiIb	6,79 ^{abcdg} ± 2,83
SH	10,07 ^{afgh} ± 0,72
WS-Du	6,57 ^{di} ± 1,64
WSDu-LB	10,40 ^{abcegi} ± 1,48
WSDu-Ib	4,04 ^{dk} ± 2,85

Tab. 8 Ergebnisse Vatergenotyp lebend geborene Ferkel (LGF)

Genotyp Vatertier	LGF (LSM ± SEE)
DE	9,86 ^{ae} ± 0,75
DL	9,28 ^{ab} ± 0,61
Du	8,93 ^{ab} ± 0,75
Du-LB	12,49 ^c ± 1,16
Du-Pi	9,34 ^{ab} ± 0,74
Du-SH	10,17 ^{acd} ± 0,92
DuLB-PiSH	9,37 ^{acb} ± 1,67

DuSH-SH	$10,03^{abc} \pm 2,71$
Ha	$6,80^b \pm 1,40$
Ib	$9,40^{abc} \pm 1,39$
LB	$9,35^{ab} \pm 0,79$
LB-PiDuPiHa	$8,60^{ab} \pm 1,78$
Pi	$8,93^{bd} \pm 0,58$
Pi-Du	$9,19^{ab} \pm 0,66$
Pi-Ib	$8,18^{ab} \pm 1,06$
Pi-LB	$11,60^{acd} \pm 1,66$
Pi-WSDu_LB	$7,76^{be} \pm 1,17$
SH	$7,90^b \pm 0,91$
WS	$9,58^{abc} \pm 2,00$
WS-Du	$9,59^{ab} \pm 1,06$

Tab. 9 Ergebnisse Wurfnummer lebend geborene Ferkel (LGF)

Wurfnummer	LGF (LSM \pm SEE)
1	$8,62^a \pm 0,62$
2	$9,41^b \pm 0,62$
3	$9,69^{bc} \pm 0,63$
4	$9,69^{bd} \pm 0,63$

5	$9,80^{cd} \pm 0,63$
6	$9,51^{bd} \pm 0,64$
7	$8,51^a \pm 0,62$

Tab. 10 Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)

Genotyp Muttertier	Anzahl aufzogener Ferkel (LSM \pm SEE]
DE	$9,31^{abd} \pm 0,61$
DL	$9,12^{ad} \pm 0,56$
DL-DE	$9,91^b \pm 0,59$
Du	$7,68^{chij} \pm 0,61$
Du-LB	$9,51^{abd} \pm 0,73$
Du-SH	$8,64^{abc} \pm 0,87$
DuSH-SH	$5,78^{cdeg} \pm 2,01$
Ha	$8,62^{adj} \pm 0,70$
Ib	$4,87^e \pm 0,90$
LB	$7,09^{chj} \pm 0,75$
LB-PiDuPiHa	$8,72^{abcghj} \pm 1,45$
LB-SH	$9,44^{abcg} \pm 1,52$
LB-WSDu	$10,51^{abf} \pm 1,42$
LB_PiDuPiHa-DuLB	$9,64^{abcg} \pm 1,34$

Pi	8,31 ^{gif} ± 0,54
Pi-DLDE	10,61 ^{abf} ± 1,35
Pi-DU	7,73 ^{fge} ± 0,75
Pi-Ha	8,26 ^{acg} ± 0,70
Pi-Ib	5,98 ^{ej} ± 1,18
Pi-LB	6,15 ^{ceg} ± 1,51
Pi-SH	8,92 ^{abcg} ± 0,99
Pi-WSDu_LB	8,70 ^{abcgh} ± 1,01
PiDu-PiHa	9,40 ^{abcgj} ± 1,57
PiIb-PiIb	5,16 ^{abcgjh} ± 2,60
SH	8,67 ^{adg} ± 0,66
WS-Du	5,30 ^{ej} ± 1,50
WSDu-LB	9,65 ^{abcg} ± 1,38
WSDu-Ib	3,56 ^{eih} ± 2,60

Tab. 11 Ergebnisse Vatergenotyp Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)

Genotyp Vatertier	aufgezogene Ferkel (LSM ± SEE)
DE	8,73 ^{ai} ± 0,69
DL	8,11 ^{abi} ± 0,56
Du	7,93 ^{abcdei} ± 0,69

Du-LB	$11,00^g \pm 1,06$
Du-Pi	$8,03^{abei} \pm 0,67$
Du-SH	$9,00^{ag} \pm 0,84$
DuLB-PiSH	$7,53^{abcdefi} \pm 1,52$
DuSH-SH	$9,95^{abcdefg} \pm 2,46$
Ha	$6,22^{bcdef} \pm 1,28$
Ib	$5,58^f \pm 1,26$
LB	$8,16^{abcei} \pm 0,73$
LB-PiDuPiHa	$6,84^{abf} \pm 1,07$
Pi	$7,55^{cf} \pm 0,53$
Pi-Du	$8,34^{abi} \pm 0,61$
Pi-Ib	$7,09^{abf} \pm 0,97$
Pi-LB	$10,55^{gi} \pm 1,51$
Pi-WSDu_LB	$5,93^{df} \pm 1,07$
SH	$6,70^{ef} \pm 0,83$
WS	$8,84^{abgfi} \pm 1,83$
WS-Du	$8,83^{abgci} \pm 0,97$

Tab. 12 Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene Ferkel (AUF)

Wurfnummer	aufgezogene Ferkel (LSM \pm SEE)
1	7,70 ^a \pm 0,56
2	8,35 ^b \pm 0,57
3	8,45 ^b \pm 0,57
4	8,21 ^b \pm 0,58
5	8,35 ^b \pm 0,58
6	8,15 ^b \pm 0,58
7	7,08 ^c \pm 0,57

Tab. 13 Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene weibliche Ferkel (AWF)

Genotyp Muttertier	aufgezogene weibliche Ferkel (LSM \pm SEE)
DE	4,65 ^{acg} \pm 0,45
DL	4,48 ^{agi} \pm 0,42
DL-DE	4,75 ^{acg} \pm 0,44
Du	3,71 ^{bdf} \pm 0,45
Du-LB	4,42 ^{acd} \pm 0,51
Du-SH	4,14 ^{adghi} \pm 0,61
Ha	4,51 ^{ceg} \pm 0,51

Ib	$2,70^b \pm 0,67$
LB	$3,87^{bdgi} \pm 0,55$
LB-PiDuPiHa	$4,56^{abcd} \pm 0,96$
LB-SH	$5,07^{acd} \pm 1,12$
LB-WSDu	$4,97^{acd} \pm 0,92$
LB_PiDuPiHa-DuLB	$5,18^{acd} \pm 0,93$
Pi	$4,03^{dehi} \pm 0,41$
Pi-DLDE	$5,93^c \pm 0,85$
Pi-DU	$3,33^{bh} \pm 0,54$
Pi-Ha	$4,01^{dghi} \pm 0,49$
Pi-Ib	$3,37^{abdgi} \pm 0,87$
Pi-LB	$2,92^{abdg} \pm 1,02$
Pi-SH	$4,30^{abcdi} \pm 0,70$
Pi-WSDu_LB	$4,16^{abcdi} \pm 0,70$
PiDu-PiHa	$5,55^{cfi} \pm 1,08$
SH	$4,19^{adghi} \pm 0,48$
WS-Du	$2,74^{abdg} \pm 1,12$
WSDu-LB	$5,50^{ci} \pm 0,88$
DuSH-SH	$1,50^{bfh} \pm 1,50$
WSDu-Ib	$2,12^{abci} \pm 2,03$

PiIb-PiIb	2,48 ^{abci} ± 2,04
-----------	-----------------------------

Tab. 14 Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene weibliche Ferkel (AWF)

Wurfnummer	aufgezogene weibliche Ferkel (LSM ± SEE)
1	3,85 ^a ± 0,42
2	4,16 ^b ± 0,42
3	4,30 ^b ± 0,43
4	4,20 ^b ± 0,43
5	4,20 ^b ± 0,43
6	4,07 ^{ab} ± 0,44
7	3,52 ^c ± 0,43

Tab. 15 Ergebnisse Muttergenotyp Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)

Genotyp Muttertier	aufgezogene männliche Ferkel (LSM ± SEE)
DE	4,74 ^{af} ± 0,44
DL	4,70 ^{af} ± 0,41
DL-DE	5,23 ^b ± 0,42
Du	4,01 ^{ceg} ± 0,44

Du-LB	$5,09^{ab} \pm 0,49$
Du-SH	$4,45^{abc} \pm 0,58$
DuSH-SH	$4,30^{abcd} \pm 1,46$
Ha	$4,22^{cf} \pm 0,50$
Ib	$2,24^d \pm 0,65$
LB	$3,25^{de} \pm 0,53$
LB-PiDuPiHa	$4,22^{abce} \pm 0,92$
LB-SH	$4,31^{abcd} \pm 1,09$
LB-WSDu	$5,60^{abfg} \pm 0,88$
LB_PiDuPiHa-DuLB	$4,40^{abce} \pm 0,89$
Pi	$4,38^{cf} \pm 0,39$
Pi-DLDE	$4,72^{abce} \pm 0,81$
Pi-Du	$4,45^{ac} \pm 0,52$
Pi-Ha	$4,43^{ac} \pm 0,48$
Pi-Ib	$3,00^{cd} \pm 0,84$
Pi-LB	$3,29^{acd} \pm 0,98$
Pi-SH	$4,67^{abce} \pm 0,68$
Pi-WSDu_LB	$4,69^{abce} \pm 0,68$
PiDu-PiHa	$3,94^{abcd} \pm 1,04$
PiIb-PiIb	$3,03^{abcd} \pm 2,00$

SH	4,55 ^{ac} ± 0,46
WS-Du	2,60 ^{cd} ± 1,09
WSDu-Ib	1,48 ^{abcd} ± 1,98
WSDu-LB	4,21 ^{abce} ± 0,84

Tab. 16 Ergebnisse Vatergenotyp Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)

Genotyp Vatertier	aufgezogene männliche Ferkel (LSM ± SEE)
DE	4,09 ^{abc} ± 0,51
DL	4,15 ^{ab} ± 0,40
Du	3,96 ^{abc} ± 0,51
Du-LB	5,04 ^{abcd} ± 0,83
Du-Pi	3,85 ^{abc} ± 0,50
Du-SH	4,77 ^{abd} ± 0,64
DuLB-PiSH	3,63 ^{abcde} ± 1,18
DuSH-SH	4,37 ^{abcde} ± 1,97
Ha	3,10 ^{abce} ± 0,99
Ib	2,89 ^{ace} ± 0,97
LB	4,73 ^{bd} ± 0,54
LB-PiDuPiHa	3,74 ^{abce} ± 0,83

Pi	$3,68^c \pm 0,38$
Pi-Du	$4,16^{ab} \pm 0,44$
Pi-Ib	$3,33^{abce} \pm 0,74$
Pi-LB	$6,70^d \pm 1,20$
Pi-WSDu_LB	$3,18^{abce} \pm 0,84$
SH	$2,60^e \pm 0,63$
WS	$5,33^{cde} \pm 1,43$
WS-Du	$4,30^{cd} \pm 0,74$

Tab. 17 Ergebnisse Wurfnummer Anzahl aufgezogene männliche Ferkel (AMF)

Wurfnummer	aufgezogene männliche Ferkel (LSM \pm SEE)
1	$3,91^a \pm 0,41$
2	$4,25^b \pm 0,41$
3	$4,22^{ab} \pm 0,42$
4	$4,10^b \pm 0,42$
5	$4,24^b \pm 0,42$
6	$4,17^{ab} \pm 0,43$
7	$3,67^c \pm 0,41$

Tab. 18 Ergebnisse Muttergenotyp Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)

Genotyp Muttertier	Verluste (LSM \pm SEE)
DE	2,91 ^{adh} \pm 0,46
DL	2,09 ^{bg} \pm 0,42
DL-DE	2,47 ^{ag} \pm 0,44
Du	2,43 ^{abg} \pm 0,46
Du-LB	2,55 ^{abeg} \pm 0,55
Du-SH	1,98 ^{abg} \pm 0,66
Ha	2,45 ^{abg} \pm 0,53
Ib	3,25 ^{acd} \pm 0,68
LB	1,92 ^{bfg} \pm 0,56
LB-PiDuPiHa	3,47 ^{abdh} \pm 1,10
LB-WSDu	3,51 ^{abdh} \pm 1,08
Pi	2,25 ^{bcg} \pm 0,40
Pi-Du	3,20 ^{ad} \pm 0,56
Pi-Ha	3,54 ^{de} \pm 0,53
Pi-Ib	3,61 ^{abd} \pm 0,88
Pi-LB	4,80 ^d \pm 1,14
Pi-SH	2,06 ^{abg} \pm 0,75
Pi-WSDu_LB	2,69 ^{abdg} \pm 0,76

PiDu-PiHa	2,55 ^{abdg} ± 1,19
SH	2,81 ^{acdfh} ± 0,50
WS-Du	3,49 ^{abdh} ± 1,12
DuSH-SH	1,96 ^{abdg} ± 1,49
LB-SH	0,87 ^{hg} ± 1,14
LB_PiDuPiHA-DuLB	1,86 ^{abeg} ± 1,01
Pi-DLDE	0,73 ^g ± 1,04
PiIb-PiIb	2,35 ^{abdg} ± 1,91
WSDu-Ib	1,12 ^{abdg} ± 1,93
WSDu-LB	1,65 ^{abeg} ± 1,05

Tab. 19 Ergebnisse Vatergenotyp Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)

Genotyp Vatertier	Verluste (LSM ± SEE)
DE	1,92 ^a ± 0,51
DL	2,05 ^{ab} ± 0,42
Du	2,07 ^{abc} ± 0,51
Du-LB	2,63 ^{abcd} ± 0,78
Du-Pi	2,22 ^{abc} ± 0,50
Du-SH	2,37 ^{abc} ± 0,62

DuLB-PiSH	$2,78^{abcde} \pm 1,13$
Ib	$5,07^e \pm 0,93$
LB	$2,81^{abcd} \pm 0,54$
LB-PiDuPiHa	$4,03^{de} \pm 0,79$
Pi	$2,69^{bd} \pm 0,40$
Pi-Du	$1,96^a \pm 0,45$
Pi-Ib	$2,30^{ad} \pm 0,71$
Pi-WSDu_LB	$3,53^{cde} \pm 0,78$
SH	$1,78^{ab} \pm 0,61$
WS	$2,87^{ade} \pm 1,34$
WS-Du	$1,83^{abc} \pm 0,72$
DuSH-SH	$2,32^{ade} \pm 1,81$
Ha	$1,52^{abc} \pm 0,94$
Pi-LB	$1,66^{ade} \pm 1,11$

Tab. 20 Ergebnisse Wurfnummer Verluste (einschließlich totgeborene Ferkel)

Wurfnummer	Verluste (LSM \pm SEE)
1	$1,90^a \pm 0,42$
2	$2,05^a \pm 0,43$

3	$2,37^b \pm 0,43$
4	$2,80^c \pm 0,43$
5	$2,89^c \pm 0,43$
6	$2,75^c \pm 0,44$
7	$2,88^c \pm 0,43$

Tab. 21 Ergebnisse Muttergenotyp erdrückte Ferkel

Genotyp Muttertier	erdrückte Ferkel (LSM \pm SEE)
DE	$0,52^{ad} \pm 0,23$
DL	$0,48^{ad} \pm 0,21$
DL-DE	$0,56^{ae} \pm 0,22$
Du-LB	$0,59^{ad} \pm 0,26$
Ib	$1,63^b \pm 0,34$
LB-PiDuPiHa	$1,10^{abcd} \pm 0,50$
Pi	$0,62^{ae} \pm 0,20$
Pi-Du	$0,55^{ad} \pm 0,27$
Pi-Ha	$0,75^{ae} \pm 0,25$
Pi-Ib	$1,16^{abc} \pm 0,44$
Pi-LB	$2,09^c \pm 0,53$
Pi-WSDu_LB	$1,01^{abc} \pm 0,36$

SH	$0,53^{\text{ad}} \pm 0,24$
Du	$0,28^{\text{d}} \pm 0,23$
Du-SH	$0,53^{\text{ad}} \pm 0,31$
DuSH-SH	$0,24^{\text{abd}} \pm 0,75$
Ha	$0,30^{\text{de}} \pm 0,26$
LB	$0,36^{\text{ad}} \pm 0,28$
LB-SH	$0,44^{\text{ad}} \pm 0,56$
LB-WSDu	$0,78^{\text{abd}} \pm 0,48$
LB_PiDuPiHa-DuLB	$0,19^{\text{ad}} \pm 0,48$
Pi-DLDE	$0,12^{\text{ad}} \pm 0,45$
Pi-SH	$0,16^{\text{de}} \pm 0,36$
PiDu-PiHa	$0,40^{\text{ad}} \pm 0,56$
PiIb-PiIb	$1,35^{\text{abcd}} \pm 1,01$
WS-Du	$0,26^{\text{ad}} \pm 0,56$
WSDu-Ib	$0,22^{\text{abcd}} \pm 1,01$
WSDu-LB	$0,53^{\text{ad}} \pm 0,46$

Tab. 22 Ergebnisse Wurfnummer erdrückte Ferkel

Wurfnummer	erdrückte Ferkel(LSM \pm SEE)
1	0,37 ^a \pm 0,21
2	0,52 ^b \pm 0,21
3	0,69 ^c \pm 0,21
4	0,74 ^c \pm 0,22
5	0,72 ^c \pm 0,22
6	0,76 ^c \pm 0,22
7	0,64 ^c \pm 0,21

Tab. 23 Ergebnisse Muttergenotyp Trächtigkeitsdauer (Tage)

Genotyp Muttertier	Trächtigkeitsdauer (LSM \pm SEE)
DE	115,00 ^a \pm 0,43
DL	115,18 ^a \pm 0,38
DL-DE	115,17 ^a \pm 0,42
Du	115,22 ^{ab} \pm 0,42
Du-LB	115,22 ^{ab} \pm 0,54
Du-SH	115,51 ^{ab} \pm 0,64
DuSH-SH	115,69 ^{abc} \pm 1,34
Ha	115,23 ^{ab} \pm 0,49

Ib	$113,15^c \pm 0,63$
LB	$115,53^{ab} \pm 0,55$
LB-PiDuPiHa	$114,95^{abc} \pm 1,13$
LB-SH	$115,71^{abc} \pm 1,05$
LB_PiDuPiHa-DuLB	$116,06^{ab} \pm 0,98$
Pi	$115,66^b \pm 0,37$
Pi-DLDE	$115,06^{abc} \pm 1,10$
Pi-DU	$114,65^a \pm 0,53$
Pi-Ha	$114,74^a \pm 0,50$
Pi-Ib	$114,80^{abc} \pm 0,82$
Pi-LB	$116,36^{ab} \pm 1,16$
Pi-SH	$114,53^{abc} \pm 0,72$
Pi-WSDu_LB	$116,04^{ab} \pm 0,73$
PiDu-PiHa	$113,78^{abc} \pm 1,19$
PiIb-PiIb	$115,36^{ab} \pm 1,37$
SH	$115,14^{ab} \pm 0,47$
WS-Du	$114,91^{abc} \pm 1,04$
WSDu-LB	$115,29^{ab} \pm 0,83$
WSDu-Ib	$115,00^{abc} \pm 1,68$

Tab. 24 Ergebnisse Vatergenotyp Trächtigkeitsdauer (Tage)

Genotyp Vater- tier	Trächtigkeitsdauer (LSM \pm SEE)
DE	114,99 ^{acd} \pm 0,44
DL	114,70 ^{bcd} \pm 0,39
Du	115,28 ^{ad} \pm 0,44
Du-LB	114,19 ^{ab} \pm 0,64
Du-Pi	115,12 ^{abd} \pm 0,42
Du-SH	114,60 ^{ab} \pm 0,52
DuLB-PiSH	114,38 ^{abd} \pm 0,95
Ib	116,32 ^{de} \pm 0,77
LB	115,30 ^{adf} \pm 0,47
LB-PiDuPiHa	114,68 ^{abd} \pm 0,66
Pi	115,08 ^{adg} \pm 0,37
Pi-Du	115,21 ^{ad} \pm 0,41
Pi-LB	115,19 ^{abd} \pm 0,87
SH	114,83 ^{ab} \pm 0,51
WS	115,80 ^{abde} \pm 0,91
WS-Du	116,94 ^e \pm 0,62
Ha	114,07 ^{ab} \pm 0,69
Pi-Ib	114,19 ^{bcdg} \pm 0,58

DuSH-SH	116.88 ^{abde} ± 1.47
Pi-WSDu_LB	114,96 ^{abd} ± 0,63

Tab. 25 Ergebnisse Wurfnummer Trächtigkeitsdauer (Tage)

Wurfnummer	Trächtigkeitsdauer (LSM ± SEE)
1	115,22 ^{ad} ± 0,39
2	115,03 ^{bc} ± 0,39
3	114,97 ^c ± 0,39
4	115,05 ^{abc} ± 0,39
5	115,11 ^{abc} ± 0,39
6	115,20 ^{ab} ± 0,40
7	115,38 ^d ± 0,39

Wie bereits im Diskussionsteil erwähnt werden im Folgenden die Parameter „Absetzalter“ und „Erstbelegungsalter“ aufgeführt.

Absetzalter

Das Absetzalter wurde als Differenz zwischen Absetz- und Geburtsdatum definiert. Es liegt im arithmetischen Mittel bei 26,92 Tagen.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Das Absetzalter ist abhängig vom Genotyp des Muttertieres ($p = 0,0040$).

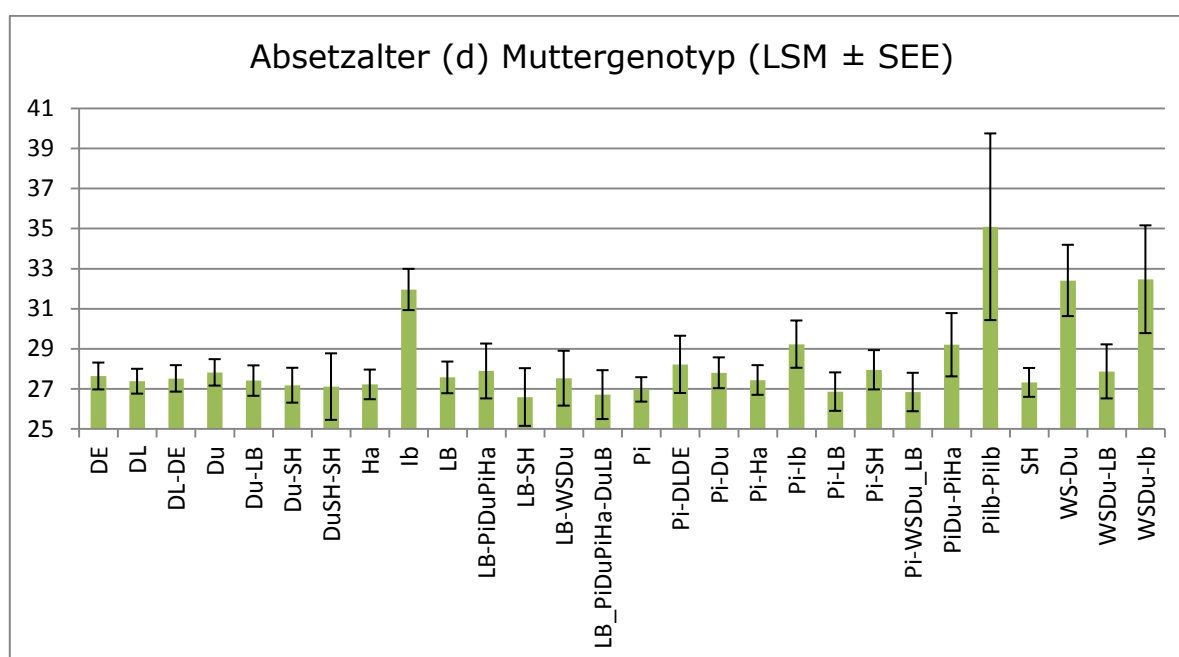


Abb. 42 Absetzalter verschiedener Muttertiergenotypen

Das höchste Absetzalter weist die Kreuzung PiIb-PiIb mit 35,09 Tagen auf. Allerdings liegt hier auch ein hoher Standardschätzfehler mit 4,66 vor, welcher in der Regel auf eine niedrige Zahl von Beobachtungen hinweist. Des Weiteren fiel die zootechnisch bedingte Säugezeit bei den Kreuzungskombinationen WS-Du (32,41 Tage) und WSDu-Ib (32,47 Tage) sowie der Ib-Muttertiere mit durchschnittlich 31,96 Tagen erwartungsgemäß länger aus als bei den konventionell gehaltenen Genotypen. Alle anderen Muttergenotypen unterscheiden sich nur geringfügig voneinander.

Abhängigkeit von der Wurfnummer

Die Anzahl der Würfe eines einzelnen Muttertieres beeinflusst signifikant das Absetzalter ($p = 0,0270$)

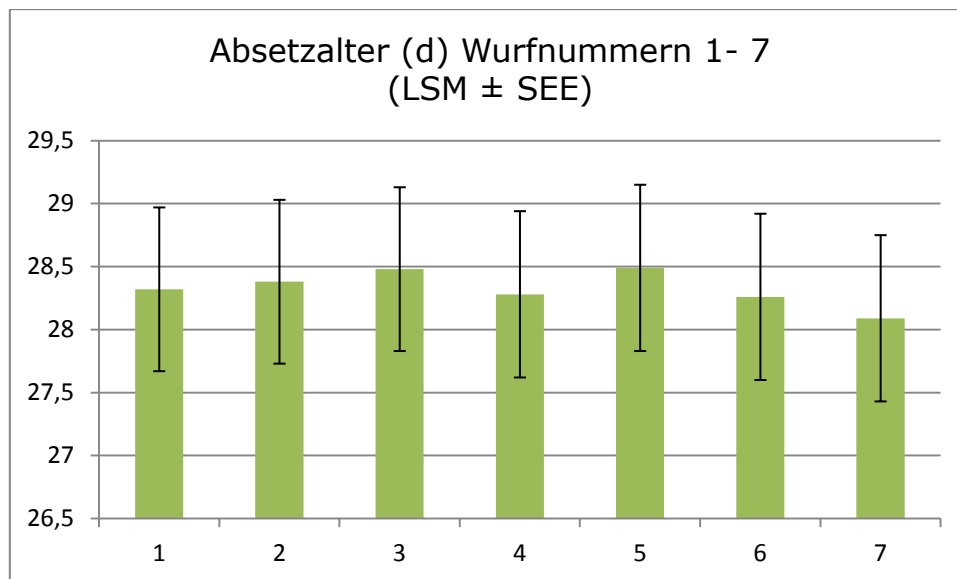


Abb. 43 Absetzalter abhängig von der Wurfnummer

Bei allen Wurfnummern sind die ermittelten LSM und SEE sehr ähnlich. Die Würfe 1 bis 6 unterscheiden sich nicht signifikant voneinander. Ab dem 7. Wurf sind nur signifikante Unterschiede zu Wurfnummer 2,3 und 5 zu verzeichnen. Das Absetzalter ist ab dem 7. Wurf mit 28,09 Tagen (LSM) am geringsten. Insgesamt sind die Unterschiede aus biologischer Sicht zu vernachlässigen.

Abhängigkeit vom MHS-Genotyp

Eine Abhängigkeit des Absetzalters vom MHS-Genotyp liegt nicht vor ($p=0,9989$).

Abhängigkeit vom Vatergenotyp

Der Vatergenotyp beeinflusst signifikant das Absetzalter der Ferkel ($p < 0,0001$).

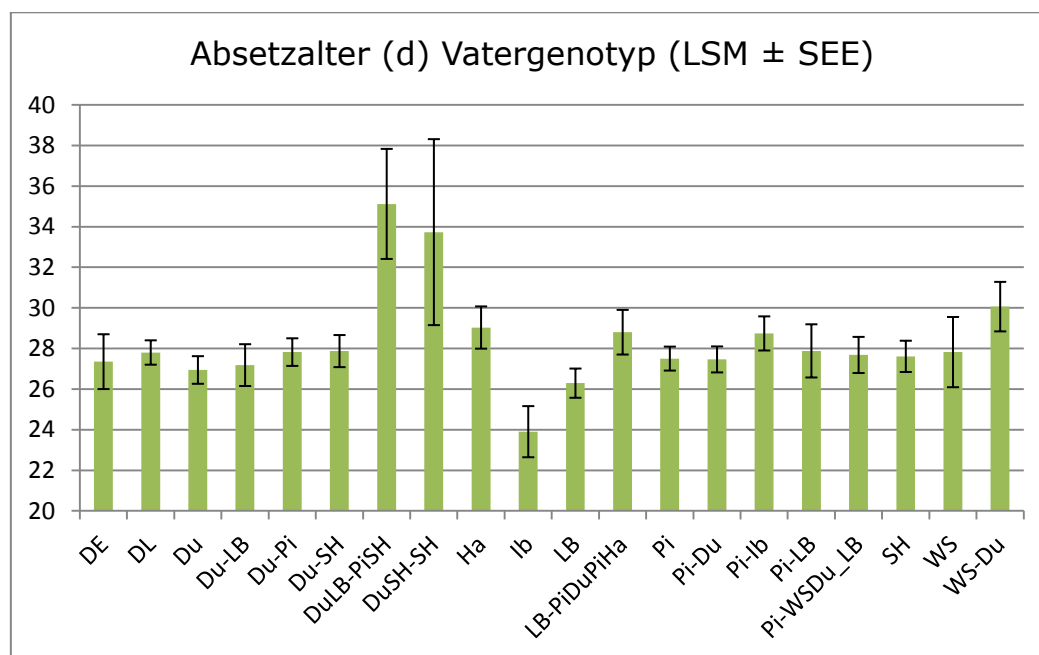


Abb. 44 Abhängigkeit des Absetzalters vom Vatergenotyp

Das höchste Absetzalter ist bei der Kreuzungskombination Duroc-Large Black x Pietrain-Schwäbisch Hällisches Schwein (DuLB-PiSH) mit 35,12 Tagen zu erwarten. Beim Einsatz von Ib-Ebern ist das Absatzalter mit

23,90 Tagen am geringsten. Beim Großteil der untersuchten Rassen und Kreuzungskombinationen liegen keine signifikanten Unterschiede vor.

Abhängigkeit von der Anzahl der Besamungen

Ein signifikanter Einfluss der Zahl der Besamungen auf das Absetzalter ist nicht zu erwarten ($p = 0,2928$).

Erstbelegungsalter

Das Erstbelegungsalter definiert den Zeitpunkt, an dem die Jungsau zum ersten Mal belegt wird.

Abhängigkeit vom Muttergenotyp

Im Durchschnitt lag das Erstbesamungsalter der Sauen bei 270 Tagen, allerdings umfasst diese Berechnung auch einen Extremwert von 676 Tagen für eine Large Black Jungsau. Diese späte Erstbelegung ist auf das Betriebs- bzw. Versuchsmanagement zurückzuführen. Der Muttergenotyp hatte jedoch keinen signifikanten Effekt auf das Erstbelegungsalter.

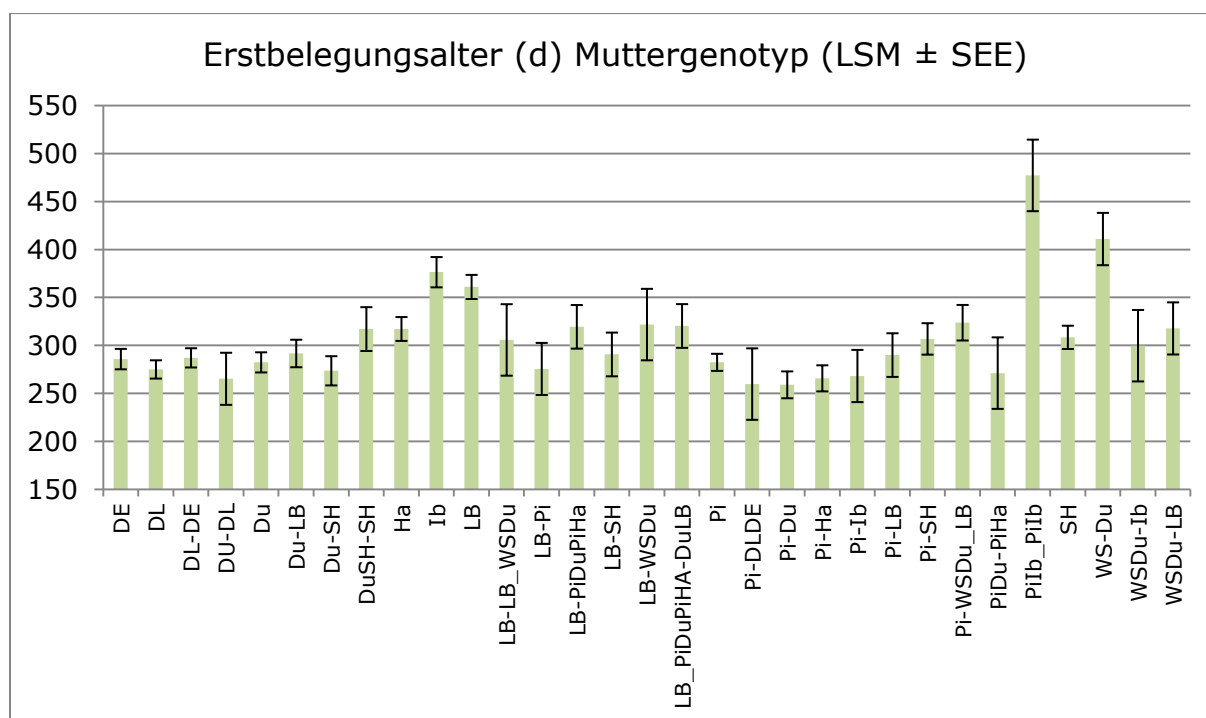


Abb. 45 Erstbelegungsalter verschiedener Muttergenotypen

Es ist zu beachten, dass es sich bei den PiIb_PiIb-, Ib- und LB-Sauen um die Tiere, mit dem sehr hohen Erstbelegungsalter handelt.

Nutzungsdauer

Für die Nutzungsdauer erfolgte keine statistische Analyse, da nur Daten von 494 Sauen vollständig vorlagen (Zeitraum von erster Belegung bis zum Abgangsdatum). Allgemein lässt sich hier feststellen, dass die Nutzungsdauer im arithmetischen Mittel bei diesen 494 Tieren 826 (± 573) Tage betrug. Im Durchschnitt wurden von diesen Sauen 4,81 ($\pm 3,76$) Würfe aufgezogen bzw. geboren, während das arithmetische Mittel für die

Wurfnummer der insgesamt analysierten Sauen $4,27 \pm 3,07$ ergab. Das durchschnittliche Abgangsalter, der 494 vollständig erfassten Sauen, endete bei 1096 (± 568) Tagen bzw. 3 ($\pm 1,56$) Jahren. Ca. 26 % dieser Sauen wurden nur bis zum ersten Wurf gehalten, während die "dienstälteste" Herdbuchsau der Deutschen Landrasse 17 Würfe aufzog.

Aus der Differenz zwischen Abgangsalter und Nutzungsdauer ergibt sich exakt das für alle erfassten Sauen ermittelte durchschnittliche Erstbelegungsalter von 270 Tagen, so dass man davon ausgehen kann, dass die - anhand der 494 vollständig erfassten Sauen - ermittelte Nutzungsdauer repräsentativ für den kompletten Untersuchungszeitraum ist.

10. Danksagung

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Armin Scholz für die tolle Betreuung meiner Doktorarbeit und dessen Vertrauen, diese Arbeit extern zu betreuen.

Des Weiteren möchte ich mich bei Frau Prof. Dr. Prisca Kremer bedanken, die mir bei der Suche nach einem geeigneten Thema und Betreuer sehr engagiert zur Seite stand.

Bedanken möchte ich mich auch bei Frau Katrin Rau von der Thüringer Landesanstalt sowie Herrn Hartmut Boettcher und Herrn Miguel Angel Aparicio-Tovar für deren Unterstützung.

Ebenso gilt mein Dank Frau Welke und Herrn Unger von der Stadtbibliothek Annaberg-Buchholz, die mir stets schnell und unkompliziert bei der Literaturrecherche behilflich waren.

Unendlich dankbar bin ich meinen Eltern, Uta und Lutz Escher, für ihre Unterstützung, Fürsorge und Hilfe in allen Lebenslagen. Danke für alles!!! Ein weiteres Dankeschön gilt meinen Schwiegereltern Anke und Andreas Bonow und meinem Bruder Sebastian für deren seelischen Beistand und Aufmunterung in stressigen Zeiten. Meiner Schwiegermutter möchte ich besonders für ihre Hilfestellungen und Hinweise in Sachen Ausdruck und Rechtschreibung danken. Außerdem möchte ich mich ganz sehr bei Johanna Bothmann bedanken, die stets bei diversen Fragen ein offenes Ohr für mich hatten. Liebe Corinna Müller, auch dir vielen Dank für deine Hilfe! Zum Schluss möchte ich mich bei meinem Mann Philipp und unserer wunderbaren Tochter Ria bedanken. Lieber Philipp, danke für deine Unterstützung und deinen Ansporn! Liebe Ria, danke dass du es mit deinem wun-

dervollen und unkomplizierten Wesen möglich gemacht hast, dass diese Dissertation auch neben Beruf und Familienleben entstehen konnte.